

PATENT COOPERATION TREATY

PCT

NOTIFICATION OF ELECTION

(PCT Rule 61.2)

From the INTERNATIONAL BUREAU

To:

Assistant Commissioner for Patents
United States Patent and Trademark
Office
Box PCT
Washington, D.C.20231
ÉTATS-UNIS D'AMÉRIQUE

in its capacity as elected Office

Date of mailing (day/month/year) 22 November 1999 (22.11.99)	
International application No. PCT/DE99/01163	Applicant's or agent's file reference 51587AWOM1XX24-P
International filing date (day/month/year) 15 April 1999 (15.04.99)	Priority date (day/month/year) 21 April 1998 (21.04.98)
Applicant SPECHT, Thomas et al	

1. The designated Office is hereby notified of its election made:

☒ in the demand filed with the International Preliminary Examining Authority on:

26 October 1999 (26.10.99)

☐ in a notice effecting later election filed with the International Bureau on:2. The election ☒ was☐ was not

made before the expiration of 19 months from the priority date or, where Rule 32 applies, within the time limit under Rule 32.2(b).

The International Bureau of WIPO 34, chemin des Colombettes 1211 Geneva 20, Switzerland Facsimile No.: (41-22) 740.14.35	Authorized officer Maria Kirchner Telephone No.: (41-22) 338.83.38
--	---

PATENT COOPERATION TREATY

PCT

INTERNATIONAL PRELIMINARY EXAMINATION REPORT

(PCT Article 36 and Rule 70)

Applicant's or agent's file reference 51587AWOM1XX24-P	FOR FURTHER ACTION See Notification of Transmittal of International Preliminary Examination Report (Form PCT/IPEA/416)	
International application No. PCT/DE99/01163	International filing date (day/month/year) 15 April 1999 (15.04.99)	Priority date (day/month/year) 21 April 1998 (21.04.98)
International Patent Classification (IPC) or national classification and IPC C12N 15/12		
Applicant METAGEN GESELLSCHAFT FÜR GENOMFORSCHUNG MBH		

1. This international preliminary examination report has been prepared by this International Preliminary Examining Authority and is transmitted to the applicant according to Article 36.

2. This REPORT consists of a total of 6 sheets, including this cover sheet.

☐ This report is also accompanied by ANNEXES, i.e., sheets of the description, claims and/or drawings which have been amended and are the basis for this report and/or sheets containing rectifications made before this Authority (see Rule 70.16 and Section 607 of the Administrative Instructions under the PCT).

These annexes consist of a total of _____ sheets.

3. This report contains indications relating to the following items:

- I ☒ Basis of the report
- II ☐ Priority
- III ☒ Non-establishment of opinion with regard to novelty, inventive step and industrial applicability
- IV ☐ Lack of unity of invention
- V ☒ Reasoned statement under Article 35(2) with regard to novelty, inventive step or industrial applicability; citations and explanations supporting such statement
- VI ☒ Certain documents cited
- VII ☒ Certain defects in the international application
- VIII ☒ Certain observations on the international application

Date of submission of the demand 26 October 1999 (26.10.99)	Date of completion of this report 24 July 2000 (24.07.2000)
Name and mailing address of the IPEA/EP	Authorized officer
Facsimile No.	Telephone No.

INTERNATIONAL PRELIMINARY EXAMINATION REPORT

International application No.

PCT/DE99/01163

I. Basis of the report

1. This report has been drawn on the basis of *(Replacement sheets which have been furnished to the receiving Office in response to an invitation under Article 14 are referred to in this report as "originally filed" and are not annexed to the report since they do not contain amendments.)*:

- ☐ the international application as originally filed.
- ☒ the description, pages 1-339, as originally filed,
 pages _____, filed with the demand,
 pages _____, filed with the letter of _____,
 pages _____, filed with the letter of _____.
- ☒ the claims, Nos. 1-38, as originally filed,
 Nos. _____, as amended under Article 19,
 Nos. _____, filed with the demand,
 Nos. _____, filed with the letter of _____,
 Nos. _____, filed with the letter of _____.
- ☒ the drawings, sheets/fig 1/10-10/10, as originally filed,
 sheets/fig _____, filed with the demand,
 sheets/fig _____, filed with the letter of _____,
 sheets/fig _____, filed with the letter of _____.

2. The amendments have resulted in the cancellation of:

- ☐ the description, pages _____
- ☐ the claims, Nos. _____
- ☐ the drawings, sheets/fig _____

3. ☐ This report has been established as if (some of) the amendments had not been made, since they have been considered to go beyond the disclosure as filed, as indicated in the Supplemental Box (Rule 70.2(c)).

4. Additional observations, if necessary:

INTERNATIONAL PRELIMINARY EXAMINATION REPORT

International application No.

PCT/DE99/01163

III. Non-establishment of opinion with regard to novelty, inventive step and industrial applicability

The questions whether the claimed invention appears to be novel, to involve an inventive step (to be non obvious), or to be industrially applicable have not been examined in respect of:

- ☐ the entire international application.
- ☒ claims Nos. 27,30-32 (entirely) and 1-26,28,29,33-38,(partially)

because:

- ☐ the said international application, or the said claims Nos. _____
relate to the following subject matter which does not require an international preliminary examination (*specify*):

- ☐ the description, claims or drawings (*indicate particular elements below*) or said claims Nos. _____
are so unclear that no meaningful opinion could be formed (*specify*):

- ☒ the claims, or said claims Nos. 27,30,31,32 (entirely) and 1-26,28,29,33-38,(partially) are so inadequately supported by the description that no meaningful opinion could be formed.

- ☐ no international search report has been established for said claims Nos. _____

INTERNATIONAL PRELIMINARY EXAMINATION REPORT

International application No.

PCT/DE 99/01163

Supplemental Box

(To be used when the space in any of the preceding boxes is not sufficient)

Continuation of: III

The international search report was established only for the sequence shown in SEQ.ID.NO.21 (lack of unity of invention of the present application). This international preliminary examination report therefore refers only to this sequence.

INTERNATIONAL PRELIMINARY EXAMINATION REPORT

International application No.

PCT/DE 99/01163

V. Reasoned statement under Article 35(2) with regard to novelty, inventive step or industrial applicability; citations and explanations supporting such statement

1. Statement

Novelty (N)	Claims	2, 3, 11-26, 28, 29, 33, 35-37	YES
	Claims	1, 4-10, 34, 38	NO
Inventive step (IS)	Claims		YES
	Claims	1, 2-26, 28, 29, 33-38	NO
Industrial applicability (IA)	Claims	1-26, 28, 33-35, 38	YES
	Claims	29, 36, 37: cf. Box VIII, point 3	NO

2. Citations and explanations

The sequences which are shown in the documents indicated in the international search report as X-documents (Hillier, L. et al., accession no. N33859 (D1) and Adams, M.D. et al, accession no. AA310233 (D2)) have a 97.6% identity over 543 base pairs with the sequence shown in SEQ.ID.NO.21. Novelty therefore cannot be recognized for the subject matter of the present Claims 5 to 10, 34 and 38.

Owing to the ambiguous wording of Claim 1 (nucleic acid sequence ... codes a part, comprising ...), novelty also cannot be recognized at present for this claim.

Furthermore, owing to the term "corresponding" used in Claim 4, the novelty of this claim is also questionable.

Claims 1, 4 to 10, 34 and 38 therefore do not meet the requirements of PCT Article 33(2) and (3).

The subject matter of the remaining claims, Claims 2, 3, 11 to 26, 28, 29, 33 and 35-37, appears to be novel in light of the available prior art.

However, in light of (D1) and (D2), the subject matter of Claims 11 to 26, 33 and 35 to 37 can only be regarded as an obvious embodiment to a person skilled in the art and does not involve an inventive step. These claims therefore

INTERNATIONAL PRELIMINARY EXAMINATION REPORT

International application No.

PCT/DE 99/01163

do not meet the requirements of PCT Article 33(3).

The subject matter of Claims 2, 3, 28 and 29 also does not meet the requirements of PCT Article 33(3), since the determining by means of routine methods of other candidate genes which could possibly be potential marker genes for bladder carcinoma cannot be regarded as inventive.

INTERNATIONAL PRELIMINARY EXAMINATION REPORT

International application No.

PCT/DE 99/01163

VII. Certain defects in the international application

The following defects in the form or contents of the international application have been noted:

The back-reference in Claims 36 and 37 to Claim 33 should be checked (Claim 33 is not a use claim, but a substance claim).

INTERNATIONAL PRELIMINARY EXAMINATION REPORT

International application No.

PCT/DE 99/01163

VIII. Certain observations on the international application

The following observations on the clarity of the claims, description, and drawings or on the question whether the claims are fully supported by the description, are made:

- 1). With regard to Claim 1c), it is noted that a nucleic acid which is complementary to the sequences defined in Claim 1a)b) does not code (-strand!).
- 2). The expression "corresponding" (functionally?, structurally?) used in Claim 4 is vague and makes the scope of protection of this claim unclear.
- 3). Claims 29, 36 and 37 are incomplete, since no type of use is defined. In the broadest sense, these claims could therefore also concern a therapeutic method. In this connection, the applicants are reminded to take note of PCT Article 34(4)(a)(i), according to which no report is established concerning the industrial applicability of claims that fall under PCT Rule 67.1(iv).

VERTRAG ÜBER DIE INTERNATIONALE ZUSAMMENARBEIT AUF DEM GEBIET DES PATENTWESENS

PCT

INTERNATIONALER VORLÄUFIGER PRÜFUNGSBERICHT

(Artikel 36 und Regel 70 PCT)

REC'D 28 JUL 2000

WIPO PCT



47

Aktenzeichen des Anmelders oder Anwalts 51587AWOM1XX24-P	WEITERES VORGEHEN siehe Mitteilung über die Übersendung des internationalen vorläufigen Prüfungsbericht (Formblatt PCT/IPEA/416)	
Internationales Aktenzeichen PCT/DE99/01163	Internationales Anmeldedatum (Tag/Monat/Jahr) 15/04/1999	Prioritätsdatum (Tag/Monat/Tag) 21/04/1998
Internationale Patentklassifikation (IPK) oder nationale Klassifikation und IPK C12N15/12		
Anmelder METAGEN et al.		

1. Dieser internationale vorläufige Prüfungsbericht wurde von der mit der internationale vorläufigen Prüfung beauftragte Behörde erstellt und wird dem Anmelder gemäß Artikel 36 übermittelt.
2. Dieser BERICHT umfaßt insgesamt 6 Blätter einschließlich dieses Deckblatts.
☐ Außerdem liegen dem Bericht ANLAGEN bei; dabei handelt es sich um Blätter mit Beschreibungen, Ansprüchen und/oder Zeichnungen, die geändert wurden und diesem Bericht zugrunde liegen, und/oder Blätter mit vor dieser Behörde vorgenommenen Berichtigungen (siehe Regel 70.16 und Abschnitt 607 der Verwaltungsrichtlinien zum PCT).
Diese Anlagen umfassen insgesamt Blätter.

3. Dieser Bericht enthält Angaben zu folgenden Punkten:

- I ☒ Grundlage des Berichts
- II ☐ Priorität
- III ☒ Keine Erstellung eines Gutachtens über Neuheit, erfinderische Tätigkeit und gewerbliche Anwendbarkeit
- IV ☐ Mangelnde Einheitlichkeit der Erfindung
- V ☒ Begründete Feststellung nach Artikel 35(2) hinsichtlich der Neuheit, der erfinderische Tätigkeit und der gewerbliche Anwendbarkeit; Unterlagen und Erklärungen zur Stützung dieser Feststellung
- VI ☒ Bestimmte angeführte Unterlagen
- VII ☒ Bestimmte Mängel der internationalen Anmeldung
- VIII ☒ Bestimmte Bemerkungen zur internationalen Anmeldung

Datum der Einreichung des Antrags 26/10/1999	Datum der Fertigstellung dieses Berichts 24. 07. 00
Name und Postanschrift der mit der internationalen vorläufigen Prüfung beauftragten Behörde:  Europäisches Patentamt D-80298 München Tel. +49 89 2399 - 0 Tx: 523656 epmu d Fax: +49 89 2399 - 4465	Bevollmächtigter Bediensteter SCHEFFZYK, I Tel. Nr. +49 89 2399 8602 

INTERNATIONALER VORLÄUFIGER PRÜFUNGSBERICHT

Internationales Aktenzeichen PCT/DE99/01163

I. Grundlage des Berichts

1. Dieser Bericht wurde erstellt auf der Grundlage (*Ersatzblätter, die dem Anmeldeamt auf eine Aufforderung nach Artikel 14 hin vorgelegt wurden, gelten im Rahmen dieses Berichts als "ursprünglich eingereicht" und sind ihm nicht beigelegt, weil sie keine Änderungen enthalten.*):

Beschreibung, Seiten:

1-339 ursprüngliche Fassung

Patentansprüche, Nr.:

1-38 ursprüngliche Fassung

Zeichnungen, Blätter:

1/10-10/10 ursprüngliche Fassung

2. Aufgrund der Änderungen sind folgende Unterlagen fortgefallen:

- ☐ Beschreibung, Seiten:
- ☐ Ansprüche, Nr.:
- ☐ Zeichnungen, Blatt:

3. ☐ Dieser Bericht ist ohne Berücksichtigung (von einigen) der Änderungen erstellt worden, da diese aus den angegebenen Gründen nach Auffassung der Behörde über den Offenbarungsgehalt in der ursprünglich eingereichten Fassung hinausgehen (Regel 70.2(c)):

4. Etwaige zusätzliche Bemerkungen:

III. Keine Erstellung eines Gutachtens über Neuheit, erfinderische Tätigkeit und gewerbliche Anwendbarkeit

Folgende Teile der Anmeldung wurden nicht daraufhin geprüft, ob die beanspruchte Erfindung als neu, auf erfinderischer Tätigkeit beruhend (nicht offensichtlich) und gewerblich anwendbar anzusehen ist:

- ☐ die gesamte internationale Anmeldung.
- ☒ Ansprüche Nr. Ansprüche 27, 30-32 komplett und Ansprüche 1-26,28,29,33-38, teilweise.

Begründung:

INTERNATIONALER VORLÄUFIGER PRÜFUNGSBERICHT

Internationales Aktenzeichen PCT/DE99/01163

- ☐ Die gesamte internationale Anmeldung, bzw. die obengenannten Ansprüche Nr. beziehen sich auf den nachstehenden Gegenstand, für den keine internationale vorläufige Prüfung durchgeführt werden braucht (*genaue Angaben*):
- ☐ Die Beschreibung, die Ansprüche oder die Zeichnungen (*machen Sie hierzu nachstehend genaue Angaben*) oder die obengenannten Ansprüche Nr. sind so unklar, daß kein sinnvolles Gutachten erstellt werden konnte (*genaue Angaben*):
- ☐ Die Ansprüche bzw. die obengenannten Ansprüche Nr. sind so unzureichend durch die Beschreibung gestützt, daß kein sinnvolles Gutachten erstellt werden konnte.
- ☒ Für die obengenannten Ansprüche Nr. 27,30,31,32 vollständig und Ansprüche 1-26,28,29,33-38, teilweise, d.h. betreffend alle SEQ.ID.NOS mit der Ausnahme von SEQ.ID.NO. 21 wurde kein internationaler Recherchenbericht erstellt.

V. Begründete Feststellung nach Artikel 35(2) hinsichtlich der Neuheit, der erfinderischen Tätigkeit und der gewerblichen Anwendbarkeit; Unterlagen und Erklärungen zur Stützung dieser Feststellung

1. Feststellung

Neuheit (N)	Ja: Ansprüche	2,3, 11-26, 28, 29, 33, 35-37
	Nein: Ansprüche	1, 4-10, 34, 38
Erfinderische Tätigkeit (ET)	Ja: Ansprüche	
	Nein: Ansprüche	1,2-26, 28,29,33-38
Gewerbliche Anwendbarkeit (GA)	Ja: Ansprüche	1-26,28,33-35,38
	Nein: Ansprüche	29,36, 37 :Siehe SEKTION VIII/3).

2. Unterlagen und Erklärungen

siehe Beiblatt

VI. Bestimmte angeführte Unterlagen

1. Bestimmte veröffentlichte Unterlagen (Regel 70.10)

und / oder

2. Nicht-schriftliche Offenbarungen (Regel 70.9)

siehe Beiblatt

INTERNATIONALER VORLÄUFIGER PRÜFUNGSBERICHT

Internationales Aktenzeichen PCT/DE99/01163

VII. Bestimmte Mängel der internationalen Anmeldung

Es wurde festgestellt, daß die internationale Anmeldung nach Form oder Inhalt folgende Mängel aufweist:

siehe Beiblatt

VIII. Bestimmte Bemerkungen zur internationalen Anmeldung

Zur Klarheit der Patentansprüche, der Beschreibung und der Zeichnungen oder zu der Frage, ob die Ansprüche in vollem Umfang durch die Beschreibung gestützt werden, ist folgendes zu bemerken:

siehe Beiblatt

SEKTION III-----

Der ISR wurde lediglich für die in SEQ.ID.NO. 21 gezeigte Sequenz erstellt (Nicht-Einheitlichkeit vorliegender Anmeldung). Demnach bezieht sich dieser Internationale Vorläufige Prüfungsberichts lediglich auf diese Sequenz.

SEKTION V-----

Die Sequenzen, die in den im ISR als X-Dokumente (Hillier L. et al., Accession no. N33859 (1) und Adams M.D. et al., Accession no. AA310233 (2)) bezeichneten Datenbanken gezeigt sind weisen eine 97.6% Identität über 543 Basenpaare mit der in SEQ:ID.NO.21 gezeigten Sequenz auf. Demnach kann für den Gegenstand der vorliegenden Ansprüche 5-10, 34 und 38 keine Neuheit anerkannt werden.

Aufgrund der zweideutigen Formulierung des Anspruchs 1 (Nukleinsäure-Sequenz, ...ein Teil kodiert, umfassend ...) kann gegenwärtig auch Neuheit dieses Anspruchs nicht anerkannt werden.

Darüberhinaus ist wegen des in Anspruch 4 verwendeten Begriffs "entsprechend" auch Neuheit dieses Anspruchs anzuzweifeln

Demnach erfüllen Ansprüche 1, 4-10, 34 und 38 nicht die Erfordernisse der Art. 33(2)(3) PCT.

Der Gegenstand der restlichen Ansprüche 2,3,11-26, 28,29, 33, 35-37 scheint im Hinblick auf den zur Verfügung stehenden Stand der Technik neu zu sein.

In Anbetracht von (1) und (2) kann der Gegenstand der Ansprüche 11-26, 33, 35-37 jedoch lediglich als naheliegende Ausführungsform für den Fachmann betrachtet werden, der auf keiner erfinderischen Tätigkeit beruht. Daher erfüllen diese Ansprüche nicht die Erfordernisse des Art. 33(3) PCT.

Auch der Gegenstand der Ansprüche 2,3, 28 und 29 erfüllt nicht die Erfordernisse des Art. 33(3) PCT, denn das Ermitteln weiterer Kandidatengene, welche eventuell potentielle Markergene für Blasencarcinom sind, mittels Routineverfahren kann

nicht als erfinderisch betrachtet werden.

SEKTION VI-----

WO 99/31236

WO 99/06550

WO 99/06551

WO 98/45436

SEKTION VII-----

Der Rückbezug in den Ansprüchen 36 und 37 zu Anspruch 33 sollte überprüft werden (Anspruch 33 ist kein Verwendungsanspruch sondern ein Stoffanspruch).

SEKTION VIII-----

- 1). Betreffend Anspruch 1c) wird festgestellt, dass eine Nukleinsäure, die komplementär zu den in Anspruch 1a)b) definierten Sequenzen ist, nicht kodierend ist (- Strang!).
- 2). Der in Anspruch 4 verwendete Ausdruck "entsprechend" (funktional? strukturel?) ist vage und macht daher den Schutzzumfang dieses Anspruchs unklar.
- 3). Ansprüche 29, 36 und 37 sind unvollständig, da keine Verwendungsart definiert ist. Im weitesten Sinne können diese Ansprüche demnach auch therapeutische Verfahren beinhalten. Diesbezüglich wird die Anmelderin auf Art. 34(4)a)(i) PCT aufmerksam gemacht, gemäß dem über die gewerbliche Anwendbarkeit von Ansprüchen, die unter die Regel 67.1 (iv) PCT fallen kein Gutachten erstellt wird.

VERTRAG ÜBER DIE INTERNATIONALE ZUSAMMENARBEIT
AUF DEM GEBIET DES PATENTWESENS

PCT

INTERNATIONALER RECHERCHENBERICHT

(Artikel 18 sowie Regeln 43 und 44 PCT)

Aktenzeichen des Anmelders oder Anwalts 51587AWOM1XX24-P	WEITERES VORGEHEN siehe Mitteilung über die Übermittlung des internationalen Recherchenberichts (Formblatt PCT/ISA/220) sowie, soweit zutreffend, nachstehender Punkt 5	
Internationales Aktenzeichen PCT/DE 99/ 01163	Internationales Anmeldedatum (Tag/Monat/Jahr) 15/04/1999	(Frühestes) Prioritätsdatum (Tag/Monat/Jahr) 21/04/1998
Anmelder METAGEN et al.		

Dieser internationale Recherchenbericht wurde von der Internationalen Recherchenbehörde erstellt und wird dem Anmelder gemäß Artikel 18 übermittelt. Eine Kopie wird dem Internationalen Büro übermittelt.

Dieser internationale Recherchenbericht umfaßt insgesamt 6 Blätter.

☐ Darüber hinaus liegt ihm jeweils eine Kopie der in diesem Bericht genannten Unterlagen zum Stand der Technik bei.

1. Grundlage des Berichts

- a. Hinsichtlich der **Sprache** ist die internationale Recherche auf der Grundlage der internationalen Anmeldung in der Sprache durchgeführt worden, in der sie eingereicht wurde, sofern unter diesem Punkt nichts anderes angegeben ist.

☐ Die internationale Recherche ist auf der Grundlage einer bei der Behörde eingereichten Übersetzung der internationalen Anmeldung (Regel 23.1 b)) durchgeführt worden.

- b. Hinsichtlich der in der internationalen Anmeldung offenbarten **Nucleotid- und/oder Aminosäuresequenz** ist die internationale Recherche auf der Grundlage des Sequenzprotokolls durchgeführt worden, das

☒ in der internationalen Anmeldung in schriftlicher Form enthalten ist.

☒ zusammen mit der internationalen Anmeldung in computerlesbarer Form eingereicht worden ist.

☐ bei der Behörde nachträglich in schriftlicher Form eingereicht worden ist.

☐ bei der Behörde nachträglich in computerlesbarer Form eingereicht worden ist.

☒ Die Erklärung, daß das nachträglich eingereichte schriftliche Sequenzprotokoll nicht über den Offenbarungsgehalt der internationalen Anmeldung im Anmeldezeitpunkt hinausgeht, wurde vorgelegt.

☒ Die Erklärung, daß die in computerlesbarer Form erfaßten Informationen dem schriftlichen Sequenzprotokoll entsprechen, wurde vorgelegt.

2. ☒ Bestimmte Ansprüche haben sich als nicht recherchierbar erwiesen (siehe Feld I).

3. ☒ Mangelnde Einheitlichkeit der Erfindung (siehe Feld II).

4. Hinsichtlich der **Bezeichnung der Erfindung**

☒ wird der vom Anmelder eingereichte Wortlaut genehmigt.

☐ wurde der Wortlaut von der Behörde wie folgt festgesetzt:

5. Hinsichtlich der **Zusammenfassung**

☒ wird der vom Anmelder eingereichte Wortlaut genehmigt.

☐ wurde der Wortlaut nach Regel 38.2b) in der in Feld III angegebenen Fassung von der Behörde festgesetzt. Der Anmelder kann der Behörde innerhalb eines Monats nach dem Datum der Absendung dieses internationalen Recherchenberichts eine Stellungnahme vorlegen.

6. Folgende Abbildung der **Zeichnungen** ist mit der Zusammenfassung zu veröffentlichen: Abb. Nr. —

☐ wie vom Anmelder vorgeschlagen

☐ keine der Abb.

☐ weil der Anmelder selbst keine Abbildung vorgeschlagen hat.

☐ weil diese Abbildung die Erfindung besser kennzeichnet.

Feld I Bemerkungen zu den Ansprüchen, die sich als nicht recherchierbar erwiesen haben (Fortsetzung von Punkt 2 auf Blatt 1)

Gemäß Artikel 17(2)a) wurde aus folgenden Gründen für bestimmte Ansprüche kein Recherchenbericht erstellt:

1. ☐ Ansprüche Nr.
weil sie sich auf Gegenstände beziehen, zu deren Recherche die Behörde nicht verpflichtet ist, nämlich
2. ☒ Ansprüche Nr. 25, 35
weil sie sich auf Teile der internationalen Anmeldung beziehen, die den vorgeschriebenen Anforderungen so wenig entsprechen, daß eine sinnvolle internationale Recherche nicht durchgeführt werden kann, nämlich
siehe Zusatzblatt WEITERE ANGABEN PCT/ISA/210
3. ☐ Ansprüche Nr.
weil es sich dabei um abhängige Ansprüche handelt, die nicht entsprechend Satz 2 und 3 der Regel 6.4 a) abgefaßt sind.

Feld II Bemerkungen bei mangelnder Einheitlichkeit der Erfindung (Fortsetzung von Punkt 3 auf Blatt 1)

Die internationale Recherchenbehörde hat festgestellt, daß diese internationale Anmeldung mehrere Erfindungen enthält:

siehe Zusatzblatt

1. ☐ Da der Anmelder alle erforderlichen zusätzlichen Recherchegebühren rechtzeitig entrichtet hat, erstreckt sich dieser internationale Recherchenbericht auf alle recherchierbaren Ansprüche.
2. ☐ Da für alle recherchierbaren Ansprüche die Recherche ohne einen Arbeitsaufwand durchgeführt werden konnte, der eine zusätzliche Recherchegebühr gerechtfertigt hätte, hat die Behörde nicht zur Zahlung einer solchen Gebühr aufgefordert.
3. ☐ Da der Anmelder nur einige der erforderlichen zusätzlichen Recherchegebühren rechtzeitig entrichtet hat, erstreckt sich dieser internationale Recherchenbericht nur auf die Ansprüche, für die Gebühren entrichtet worden sind, nämlich auf die Ansprüche Nr.
4. ☒ Der Anmelder hat die erforderlichen zusätzlichen Recherchegebühren nicht rechtzeitig entrichtet. Der internationale Recherchenbericht beschränkt sich daher auf die in den Ansprüchen zuerst erwähnte Erfindung; diese ist in folgenden Ansprüchen erfaßt:
1-24, 26-34, 36-38 teilweise

Bemerkungen hinsichtlich eines Widerspruchs

- ☐ Die zusätzlichen Gebühren wurden vom Anmelder unter Widerspruch gezahlt.
- ☐ Die Zahlung zusätzlicher Recherchegebühren erfolgte ohne Widerspruch.

WEITERE ANGABEN

PCT/ISA/ 210

1. Ansprüche: teilweise: 1-24,26-34,36-38

Nukleinsäuresequenz sich beziehend auf SEQ ID No 21, eine allelische oder komplementäre Variante davon. BAC, PAC und Cosmid-Klone, Expressionskassette, sowie Wirtszelle diese Sequenz enthaltend. Verwendungen besagter Nukleinsäuresequenz und Verfahren zur Herstellung eines Polypeptids. Antikörper, gerichtet gegen ein Polypeptid oder Fragment, welches von der SEQ ID NO 21 Sequenz kodiert wird. Polypeptidteilsequenzen sich beziehend auf SEQ ID No 430,431 (Tabelle II) und deren Verwendungen. Arzneimittel, enthaltend mindestens eine Polypeptid Teilsequenz SEQ ID Nos 430,431.

2-140: Ansprüche: teilweise: 1-24,26-34,36-38

Nukleinsäuresequenz sich beziehend auf SEQ ID No 1-20,22-127,391-403, eine allelische oder komplementäre Variante davon. BAC, PAC und Cosmid-Klone, Expressionskassette, sowie Wirtszelle diese Sequenz enthaltend. Verwendungen besagter Nukleinsäuresequenz und Verfahren zur Herstellung eines Polypeptids. Antikörper, gerichtet gegen ein Polypeptid oder Fragment, welches von der SEQ ID NO 1-20,22-127,391-403 Sequenz kodiert wird. Polypeptidteilsequenzen sich beziehend auf SEQ ID No 128-390,404-429 und deren Verwendungen. Arzneimittel, enthaltend mindestens eine Polypeptid Teilsequenz SEQ ID No 128-390,404-429.

WEITERE ANGABEN

PCT/ISA/ 210

Fortsetzung von Feld I.2

Ansprüche Nr.: 25,35

Der geltende Patentanspruch 25 bezieht sich auf ein Polypeptid, charakterisiert durch eine erstrebenswerte Eigenheit oder Eigenschaft, nämlich die Fähigkeit an eine Polypeptid-Teilsequenz gemäss Anspruch 23 zu binden. Die Patentansprüche umfassen daher alle Polypeptide, die diese Eigenheit oder Eigenschaft aufweisen, wohingegen die Patentanmeldung keine Stütze durch die Beschreibung im Sinne von Art. 5 PCT für solch ein Polypeptid liefert. Im vorliegenden Fall fehlen den Patentansprüchen die entsprechende Stütze bzw. der Patentanmeldung die nötige Offenbarung in einem solchen Maße, daß eine sinnvolle Recherche über den erstrebten Schutzbereich unmöglich erscheint. Desungeachtet fehlt den Patentansprüchen auch die in Art. 6 PCT geforderte Klarheit, nachdem in ihnen versucht wird, das Polypeptid über das jeweils erstrebte Ergebnis zu definieren. Auch dieser Mangel an Klarheit ist dergestalt, daß er eine sinnvolle Recherche über den erstrebten Schutzbereich unmöglich macht. Daher wurde keine Recherche für die in Anspruch 25 beanspruchten Polypeptide ausgeführt.

Der geltende Patentanspruch 35 bezieht sich auf eine unverhältnismäßig große Zahl möglicher Produkte, welche sich weder im Sinne von Art. 6 PCT auf die Beschreibung stützen und/oder noch im Sinne von Art. 5 PCT als in der Patentanmeldung offenbart gelten können. Im vorliegenden Fall fehlt den Patentansprüchen die entsprechende Stütze und fehlt der Patentanmeldung die nötige Offenbarung in einem solchen Maße, daß eine sinnvolle Recherche über den erstrebten Schutzbereich unmöglich erscheint. Daher wurde keine Recherche für besagte Produkte ausgeführt.

Der Anmelder wird darauf hingewiesen, daß Patentansprüche, oder Teile von Patentansprüchen, auf Erfindungen, für die kein internationaler Recherchenbericht erstellt wurde, normalerweise nicht Gegenstand einer internationalen vorläufigen Prüfung sein können (Regel 66.1(e) PCT). In seiner Eigenschaft als mit der internationalen vorläufigen Prüfung beauftragte Behörde wird das EPA also in der Regel keine vorläufige Prüfung für Gegenstände durchführen, zu denen keine Recherche vorliegt. Dies gilt auch für den Fall, daß die Patentansprüche nach Erhalt des internationalen Recherchenberichtes geändert wurden (Art. 19 PCT), oder für den Fall, daß der Anmelder im Zuge des Verfahrens gemäß Kapitel II PCT neue Patentanprüche vorlegt.

INTERNATIONALER RECHERCHENBERICHT

nationales Aktenzeichen

PCT/DE 99/01163

A. KLASSIFIZIERUNG DES ANMELDUNGSGEGENSTANDES

IPK 6 C12N15/12 C07K14/47 C07K16/18 A61K38/17 G01N33/68
 C12Q1/68 C12N15/62 A61K48/00 C12N5/10 C12N15/70
 C12N15/79 C12N15/10

Nach der Internationalen Patentklassifikation (IPK) oder nach der nationalen Klassifikation und der IPK

B. RECHERCHIERTE GEBIETE

Recherchierter Mindestprüfstoff (Klassifikationssystem und Klassifikationssymbole)

IPK 6 C12N C07K A61K G01N C12Q

Recherchierte aber nicht zum Mindestprüfstoff gehörende Veröffentlichungen, soweit diese unter die recherchierten Gebiete fallen

Während der internationalen Recherche konsultierte elektronische Datenbank (Name der Datenbank und evtl. verwendete Suchbegriffe)

C. ALS WESENTLICH ANGESEHENE UNTERLAGEN

Kategorie*	Bezeichnung der Veröffentlichung, soweit erforderlich unter Angabe der in Betracht kommenden Teile	Betr. Anspruch Nr.
X	HILLIER L ET AL: "Homo sapiens cDNA clone" EMEST DATABASE ENTRY HS859276, ACCESSION NUMBER N33859, 13. Januar 1996 (1996-01-13), XP002124496 Sequenz	1,5-10, 15,38
X	ADAMS MD ET AL: "Jurkat T-cells V Homo sapiens cDNA" EMEST DATABASE ENTRY HSZZ15367, ACCESSION NUMBER AA310233, 18. April 1997 (1997-04-18), XP002124497 Sequenz	1,5-10, 15,38
E	WO 99 31236 A (BOUGUELERET LYDIE ;DUCLERT AYMERIC (FR); GENSET (FR); DUMAS MILNE) 24. Juni 1999 (1999-06-24) SEQ ID Nr: 67,122,123,137,168,223,224,238	1,5-10, 15,23, 24,26,38

☒ Weitere Veröffentlichungen sind der Fortsetzung von Feld C zu entnehmen

☒ Siehe Anhang Patentfamilie

* Besondere Kategorien von angegebenen Veröffentlichungen :

A Veröffentlichung, die den allgemeinen Stand der Technik definiert, aber nicht als besonders bedeutsam anzusehen ist

E älteres Dokument, das jedoch erst am oder nach dem internationalen Anmeldedatum veröffentlicht worden ist

L Veröffentlichung, die geeignet ist, einen Prioritätsanspruch zweifelhaft erscheinen zu lassen, oder durch die das Veröffentlichungsdatum einer anderen im Recherchenbericht genannten Veröffentlichung belegt werden soll oder die aus einem anderen besonderen Grund angegeben ist (wie ausgeführt)

O Veröffentlichung, die sich auf eine mündliche Offenbarung, eine Benutzung, eine Ausstellung oder andere Maßnahmen bezieht

P Veröffentlichung, die vor dem internationalen Anmeldedatum, aber nach dem beanspruchten Prioritätsdatum veröffentlicht worden ist

T Spätere Veröffentlichung, die nach dem internationalen Anmeldedatum oder dem Prioritätsdatum veröffentlicht worden ist und mit der Anmeldung nicht kollidiert, sondern nur zum Verständnis des der Erfindung zugrundeliegenden Prinzips oder der ihr zugrundeliegenden Theorie angegeben ist

X Veröffentlichung von besonderer Bedeutung; die beanspruchte Erfindung kann allein aufgrund dieser Veröffentlichung nicht als neu oder auf erfinderischer Tätigkeit beruhend betrachtet werden

Y Veröffentlichung von besonderer Bedeutung; die beanspruchte Erfindung kann nicht als auf erfinderischer Tätigkeit beruhend betrachtet werden, wenn die Veröffentlichung mit einer oder mehreren anderen Veröffentlichungen dieser Kategorie in Verbindung gebracht wird und diese Verbindung für einen Fachmann naheliegend ist

& Veröffentlichung, die Mitglied derselben Patentfamilie ist

Datum des Abschlusses der internationalen Recherche

2. Dezember 1999

Absendedatum des internationalen Recherchenberichts

06.03.00

Name und Postanschrift der Internationalen Recherchenbehörde

Europäisches Patentamt, P.B. 5818 Patentlaan 2
 NL - 2280 HV Rijswijk
 Tel. (+31-70) 340-2040, Tx. 31 651 epo nl,
 Fax: (+31-70) 340-3016

Bevollmächtigter Bediensteter

ESPEN, J

C.(Fortsetzung) ALS WESENTLICH ANGESEHENE UNTERLAGEN

Kategorie°	Bezeichnung der Veröffentlichung, soweit erforderlich unter Angabe der in Betracht kommenden Teile	Betr. Anspruch Nr.
P,X	WO 99 06550 A (LACROIX BRUNO ;DUCLERT AYMERIC (FR); GENSET (FR); DUMAS MILNE EDWA) 11. Februar 1999 (1999-02-11) SEQ ID Nr: 253,531 ---	1,5-10, 15,23, 24,26,38
P,X	WO 99 06551 A (LACROIX BRUNO ;DUCLERT AYMERIC (FR); GENSET (FR); DUMAS MILNE EDWA) 11. Februar 1999 (1999-02-11) SEQ ID Nr: 166,324 ---	1,5-10, 15,23, 24,26,38
P,X	WO 98 45436 A (GENETICS INST) 15. Oktober 1998 (1998-10-15) SEQ ID Nr: 276 ---	1,5-10, 15,23, 24,26,38
A	WU, REN-LONG ET AL: "Uroplakin II gene is expressed in transitional cell carcinoma but not in bilharzial bladder squamous cell carcinoma: Alternative pathways of bladder epithelial differentiation and tumor formation." CANCER RESEARCH, (MARCH 15, 1998) VOL. 58, NO. 6, PP. 1291-1297., XP002124498 -----	

INTERNATIONALER RECHERCHENBERICHT

Angaben zu Veröffentlichungen, die zur selben Patentfamilie gehören

nationales Aktenzeichen

PCT/DE 99/01163

Im Recherchenbericht angeführtes Patentdokument	Datum der Veröffentlichung	Mitglied(er) der Patentfamilie	Datum der Veröffentlichung
WO 9931236 A	24-06-1999	AU 1049199 A	07-06-1999
		AU 1503099 A	05-07-1999
		WO 9925825 A	27-05-1999
		AU 2294499 A	23-08-1999
		WO 9940189 A	12-08-1999
-----	-----	-----	-----
WO 9906550 A	11-02-1999	AU 8555198 A	22-02-1999
-----	-----	-----	-----
WO 9906551 A	11-02-1999	AU 8555498 A	22-02-1999
-----	-----	-----	-----
WO 9845436 A	15-10-1998	AU 6891098 A	30-10-1998
		EP 0973896 A	26-01-2000
-----	-----	-----	-----

INTERNATIONALER RESEARCHBERICHT

Internationales Aktenzeichen

PCT/DE 99/01163

A. KLASSIFIZIERUNG DES ANMELDUNGSGEGENSTANDES					
IPK 6	C12N15/12	C07K14/47	C07K16/18	A61K38/17	G01N33/68
	C12Q1/68	C12N15/62	A61K48/00	C12N5/10	C12N15/70
	C12N15/79	C12N15/10			
Nach der internationalen Patentklassifikation (IPK) oder nach der nationalen Klassifikation und der IPK					
B. RECHERCHIERTE GEBIETE					
Recherchierter Mindestprüfstoff (Klassifikationssystem und Klassifikationssymbole)					
IPK 6	C12N	C07K	A61K	G01N	C12Q
Recherchierte aber nicht zum Mindestprüfstoff gehörende Veröffentlichungen, soweit diese unter die recherchierten Gebiete fallen					
Während der internationalen Recherche konsultierte elektronische Datenbank (Name der Datenbank und evtl. verwendete Suchbegriffe)					
C. ALS WESENTLICH ANGESEHENE UNTERLAGEN					
Kategorie*	Bezeichnung der Veröffentlichung, soweit erforderlich unter Angabe der in Betracht kommenden Teile				Betr. Anspruch Nr.
X	HILLIER L ET AL: "Homo sapiens cDNA clone" EMEST DATABASE ENTRY HS859276, ACCESSION NUMBER N33859, 13. Januar 1996 (1996-01-13), XP002124496 Sequenz				1,5-10, 15,38
X	ADAMS MD ET AL: "Jurkat T-cells V Homo sapiens cDNA" EMEST DATABASE ENTRY HSZZ15367, ACCESSION NUMBER AA310233, 18. April 1997 (1997-04-18), XP002124497 Sequenz				1,5-10, 15,38
E	WO 99 31236 A (BOUGUELERET LYDIE ;DUCLERT AYMERIC (FR); GENSET (FR); DUMAS MILNE) 24. Juni 1999 (1999-06-24) SEQ ID Nr: 67,122,123,137,168,223,224,238				1,5-10, 15,23, 24,26,38
-/-					
<input checked="" type="checkbox"/> Weitere Veröffentlichungen sind der Fortsetzung von Feld C zu entnehmen			<input checked="" type="checkbox"/> Siehe Anhang Patentfamilie		
<p>* Besondere Kategorien von angegebenen Veröffentlichungen :</p> <p>*A* Veröffentlichung, die den allgemeinen Stand der Technik definiert, aber nicht als besonders bedeutsam anzusehen ist</p> <p>*E* älteres Dokument, das jedoch erst am oder nach dem internationalen Anmeldedatum veröffentlicht worden ist</p> <p>*L* Veröffentlichung, die geeignet ist, einen Prioritätsanspruch zweifelhaft erscheinen zu lassen, oder durch die das Veröffentlichungsdatum einer anderen im Recherchenbericht genannten Veröffentlichung belegt werden soll oder die aus einem anderen besonderen Grund angegeben ist (wie ausgeführt)</p> <p>*O* Veröffentlichung, die sich auf eine mündliche Offenbarung, eine Benutzung, eine Ausstellung oder andere Maßnahmen bezieht</p> <p>*P* Veröffentlichung, die vor dem internationalen Anmeldedatum, aber nach dem beanspruchten Prioritätsdatum veröffentlicht worden ist</p> <p>*T* Spätere Veröffentlichung, die nach dem internationalen Anmeldedatum oder dem Prioritätsdatum veröffentlicht worden ist und mit der Anmeldung nicht kollidiert, sondern nur zum Verständnis des der Erfindung zugrundeliegenden Prinzips oder der ihr zugrundeliegenden Theorie angegeben ist</p> <p>*X* Veröffentlichung von besonderer Bedeutung; die beanspruchte Erfindung kann allein aufgrund dieser Veröffentlichung nicht als neu oder auf erfinderischer Tätigkeit beruhend betrachtet werden</p> <p>*Y* Veröffentlichung von besonderer Bedeutung; die beanspruchte Erfindung kann nicht als auf erfinderischer Tätigkeit beruhend betrachtet werden, wenn die Veröffentlichung mit einer oder mehreren anderen Veröffentlichungen dieser Kategorie in Verbindung gebracht wird und diese Verbindung für einen Fachmann naheliegend ist</p> <p>*Z* Veröffentlichung, die Mitglied derselben Patentfamilie ist</p>					
Datum des Abschlusses der internationalen Recherche			Absenddatum des internationalen Recherchenberichts		
2. Dezember 1999			06.03.00		
Name und Postanschrift der Internationalen Recherchenbehörde Europäisches Patentamt, P.B. 5818 Patentlaan 2 NL - 2280 HV Rijswijk Tel. (+31-70) 340-2040, Tx. 31 651 epo nl, Fax: (+31-70) 340-3016			Bevollmächtigter Bediensteter ESPEN, J		

INTERNATIONALL RECHERCHENBERICHT

Internationales Aktenzeichen

PCT/DE 99/01163

C.(Fortsetzung) ALS WESENTLICH ANGESEHENE UNTERLAGEN		
Kategorie*	Bezeichnung der Veröffentlichung, soweit erforderlich unter Angabe der in Betracht kommenden Teile	Betr. Anspruch Nr.
P,X	WO 99 06550 A (LACROIX BRUNO ;DUCLERT AYMERIC (FR); GENSET (FR); DUMAS MILNE EDWA) 11. Februar 1999 (1999-02-11) SEQ ID Nr: 253,531 ---	1,5-10, 15,23, 24,26,38
P,X	WO 99 06551 A (LACROIX BRUNO ;DUCLERT AYMERIC (FR); GENSET (FR); DUMAS MILNE EDWA) 11. Februar 1999 (1999-02-11) SEQ ID Nr: 166,324 ---	1,5-10, 15,23, 24,26,38
P,X	WO 98 45436 A (GENETICS INST) 15. Oktober 1998 (1998-10-15) SEQ ID Nr: 276 ---	1,5-10, 15,23, 24,26,38
A	WU, REN-LONG ET AL: "Uroplakin II gene is expressed in transitional cell carcinoma but not in bilharzial bladder squamous cell carcinoma: Alternative pathways of bladder epithelial differentiation and tumor formation." CANCER RESEARCH, (MARCH 15, 1998) VOL. 58, NO. 6, PP. 1291-1297., XP002124498 -----	

INTERNATIONALER RECHERCHENBERICHT

I nationales Aktenzeichen

PCT/DE 99/ 01163

Feld I Bemerkungen zu den Ansprüchen, die sich als nicht recherchierbar erwiesen haben (Fortsetzung von Punkt 2 auf Blatt 1)

Gemäß Artikel 17(2)a) wurde aus folgenden Gründen für bestimmte Ansprüche kein Recherchenbericht erstellt:

1. ☐ Ansprüche Nr.
weil sie sich auf Gegenstände beziehen, zu deren Recherche die Behörde nicht verpflichtet ist, nämlich

2. ☒ Ansprüche Nr. 25, 35
weil sie sich auf Teile der internationalen Anmeldung beziehen, die den vorgeschriebenen Anforderungen so wenig entsprechen, daß eine sinnvolle internationale Recherche nicht durchgeführt werden kann, nämlich
siehe Zusatzblatt WEITERE ANGABEN PCT/ISA/210

3. ☐ Ansprüche Nr.
weil es sich dabei um abhängige Ansprüche handelt, die nicht entsprechend Satz 2 und 3 der Regel 6.4 a) abgefaßt sind.

Feld II Bemerkungen bei mangelnder Einheitlichkeit der Erfindung (Fortsetzung von Punkt 3 auf Blatt 1)

Die internationale Recherchenbehörde hat festgestellt, daß diese internationale Anmeldung mehrere Erfindungen enthält:

siehe Zusatzblatt

1. ☐ Da der Anmelder alle erforderlichen zusätzlichen Recherchegebühren rechtzeitig entrichtet hat, erstreckt sich dieser internationale Recherchenbericht auf alle recherchierbaren Ansprüche.

2. ☐ Da für alle recherchierbaren Ansprüche die Recherche ohne einen Arbeitsaufwand durchgeführt werden konnte, der eine zusätzliche Recherchegebühr gerechtfertigt hätte, hat die Behörde nicht zur Zahlung einer solchen Gebühr aufgefordert.

3. ☐ Da der Anmelder nur einige der erforderlichen zusätzlichen Recherchegebühren rechtzeitig entrichtet hat, erstreckt sich dieser internationale Recherchenbericht nur auf die Ansprüche, für die Gebühren entrichtet worden sind, nämlich auf die Ansprüche Nr.

4. ☒ Der Anmelder hat die erforderlichen zusätzlichen Recherchegebühren nicht rechtzeitig entrichtet. Der internationale Recherchenbericht beschränkt sich daher auf die in den Ansprüchen zuerst erwähnte Erfindung; diese ist in folgenden Ansprüchen erfaßt:
1-24, 26-34, 36-38 teilweise

Bemerkungen hinsichtlich eines Widerspruchs

☐ Die zusätzlichen Gebühren wurden vom Anmelder unter Widerspruch gezahlt.

☐ Die Zahlung zusätzlicher Recherchegebühren erfolgte ohne Widerspruch.

WEITERE ANGABEN

PCT/ISA/ 210

Fortsetzung von Feld I.2

Ansprüche Nr.: 25,35

Der geltende Patentanspruch 25 bezieht sich auf ein Polypeptid, charakterisiert durch eine erstrebenswerte Eigenheit oder Eigenschaft, nämlich die Fähigkeit an eine Polypeptid-Teilsequenz gemäss Anspruch 23 zu binden. Die Patentansprüche umfassen daher alle Polypeptide, die diese Eigenheit oder Eigenschaft aufweisen, wohingegen die Patentanmeldung keine Stütze durch die Beschreibung im Sinne von Art. 5 PCT für solch ein Polypeptid liefert. Im vorliegenden Fall fehlen den Patentansprüchen die entsprechende Stütze bzw. der Patentanmeldung die nötige Offenbarung in einem solchen Maße, daß eine sinnvolle Recherche über den erstrebten Schutzbereich unmöglich erscheint. Desungeachtet fehlt den Patentansprüchen auch die in Art. 6 PCT geforderte Klarheit, nachdem in ihnen versucht wird, das Polypeptid über das jeweils erstrebte Ergebnis zu definieren. Auch dieser Mangel an Klarheit ist dergestalt, daß er eine sinnvolle Recherche über den erstrebten Schutzbereich unmöglich macht. Daher wurde keine Recherche für die in Anspruch 25 beanspruchten Polypeptide ausgeführt.

Der geltende Patentanspruch 35 bezieht sich auf eine unverhältnismäßig große Zahl möglicher Produkte, welche sich weder im Sinne von Art. 6 PCT auf die Beschreibung stützen und/oder noch im Sinne von Art. 5 PCT als in der Patentanmeldung offenbart gelten können. Im vorliegenden Fall fehlt den Patentansprüchen die entsprechende Stütze und fehlt der Patentanmeldung die nötige Offenbarung in einem solchen Maße, daß eine sinnvolle Recherche über den erstrebten Schutzbereich unmöglich erscheint. Daher wurde keine Recherche für besagte Produkte ausgeführt.

Der Anmelder wird darauf hingewiesen, daß Patentansprüche, oder Teile von Patentansprüchen, auf Erfindungen, für die kein internationaler Recherchenbericht erstellt wurde, normalerweise nicht Gegenstand einer internationalen vorläufigen Prüfung sein können (Regel 66.1(e) PCT). In seiner Eigenschaft als mit der internationalen vorläufigen Prüfung beauftragte Behörde wird das EPA also in der Regel keine vorläufige Prüfung für Gegenstände durchführen, zu denen keine Recherche vorliegt. Dies gilt auch für den Fall, daß die Patentansprüche nach Erhalt des internationalen Recherchenberichtes geändert wurden (Art. 19 PCT), oder für den Fall, daß der Anmelder im Zuge des Verfahrens gemäß Kapitel II PCT neue Patentanprüche vorlegt.

WEITERE ANGABEN

PCT/ISA/ 210

1. Ansprüche: teilweise: 1-24,26-34,36-38

Nukleinsäuresequenz sich beziehend auf SEQ ID No 21, eine allelische oder komplementäre Variante davon. BAC, PAC und Cosmid-Klone, Expressionskassette, sowie Wirtszelle diese Sequenz enthaltend. Verwendungen besagter Nukleinsäuresequenz und Verfahren zur Herstellung eines Polypeptids. Antikörper, gerichtet gegen ein Polypeptid oder Fragment, welches von der SEQ ID NO 21 Sequenz kodiert wird. Polypeptidteilsequenzen sich beziehend auf SEQ ID No 430,431 (Tabelle II) und deren Verwendungen. Arzneimittel, enthaltend mindestens eine Polypeptid Teilsequenz SEQ ID Nos 430,431.

2-140: Ansprüche: teilweise: 1-24,26-34,36-38

Nukleinsäuresequenz sich beziehend auf SEQ ID No 1-20,22-127,391-403, eine allelische oder komplementäre Variante davon. BAC, PAC und Cosmid-Klone, Expressionskassette, sowie Wirtszelle diese Sequenz enthaltend. Verwendungen besagter Nukleinsäuresequenz und Verfahren zur Herstellung eines Polypeptids. Antikörper, gerichtet gegen ein Polypeptid oder Fragment, welches von der SEQ ID NO 1-20,22-127,391-403 Sequenz kodiert wird. Polypeptidteilsequenzen sich beziehend auf SEQ ID No 128-390,404-429 und deren Verwendungen. Arzneimittel, enthaltend mindestens eine Polypeptid Teilsequenz SEQ ID No 128-390,404-429.

INTERNATIONALER RESEARCHENBERICHT

Angaben zu Veröffentlichungen, die zur selben Patentfamilie gehören

Internationales Aktenzeichen
PCT/DE 99/01163

Im Recherchenbericht angeführtes Patentdokument	Datum der Veröffentlichung	Mitglied(er) der Patentfamilie	Datum der Veröffentlichung
WO 9931236 A	24-06-1999	AU 1049199 A	07-06-1999
		AU 1503099 A	05-07-1999
		WO 9925825 A	27-05-1999
		AU 2294499 A	23-08-1999
		WO 9940189 A	12-08-1999
WO 9906550 A	11-02-1999	AU 8555198 A	22-02-1999
WO 9906551 A	11-02-1999	AU 8555498 A	22-02-1999
WO 9845436 A	15-10-1998	AU 6891098 A	30-10-1998
		EP 0973896 A	26-01-2000



PCT
WELTORGANISATION FÜR GEISTIGES EIGENTUM
Internationales Büro
INTERNATIONALE ANMELDUNG VERÖFFENTLICHT NACH DEM VERTRAG ÜBER DIE
INTERNATIONALE ZUSAMMENARBEIT AUF DEM GEBIET DES PATENTWESENS (PCT)

(51) Internationale Patentklassifikation 6 : C12N 15/12, C07K 14/47, 16/18, A61K 38/17, G01N 33/68, C12Q 1/68, C12N 15/62, A61K 48/00, C12N 5/10, 15/70, 15/79, 15/10	A3	(11) Internationale Veröffentlichungsnummer: WO 99/54460 (43) Internationales Veröffentlichungsdatum: 28. Oktober 1999 (28.10.99)
(21) Internationales Aktenzeichen: PCT/DE99/01163 (22) Internationales Anmeldedatum: 15. April 1999 (15.04.99) (30) Prioritätsdaten: 198 18 620.7 21. April 1998 (21.04.98) DE (71) Anmelder (für alle Bestimmungsstaaten ausser US): META-GEN GESELLSCHAFT FÜR GENOMFORSCHUNG MBH [DE/DE]; Ihnestrasse 63, D-14195 Berlin (DE). (72) Erfinder; und (75) Erfinder/Anmelder (nur für US): SPECHT, Thomas [DE/DE]; Grabenstrasse 14, D-12209 Berlin (DE). HINZMANN, Bernd [DE/DE]; Parkstrasse 19, D-13127 Berlin (DE). SCHMITT, Armin [DE/DE]; Laubacher Strasse 6/II, D-14197 Berlin (DE). PILARSKY, Christian [DE/DE]; Heinrich-Lange-Strasse 13c, D-01474 Schönfeld-Weissig (DE). DAHL, Edgar [DE/DE]; Eleonore-Procheska-Strasse 6, D-14480 Potsdam (DE). ROSENTHAL, André [DE/DE]; Koppenplatz 10, D-10115 Berlin (DE).	(81) Bestimmungsstaaten: JP, US, europäisches Patent (AT, BE, CH, CY, DE, DK, ES, FI, FR, GB, GR, IE, IT, LU, MC, NL, PT, SE). Veröffentlicht <i>Mit internationalem Recherchenbericht.</i> (88) Veröffentlichungsdatum des internationalen Recherchenberichts: 11. Mai 2000 (11.05.00)	
(54) Title: HUMAN NUCLEIC ACID SEQUENCES OF NORMAL BLADDER TISSUE (54) Bezeichnung: MENSCHLICHE NUKLEINSÄURESEQUENZEN AUS NORMALEM BLASENGEWEBE (57) Abstract The invention relates to human nucleic acid sequences (mRNA, cDNA, genomic sequences) of normal bladder tissue, coding for genetic products or parts thereof, in addition to the use thereof. The invention also relates to the polypeptides that can be obtained according to said sequences and to the use thereof. (57) Zusammenfassung Es werden menschliche Nukleinsäuresequenzen – mRNA, cDNA, genomische Sequenzen – aus Blasennormalgewebe, die für Genprodukte oder Teile davon kodieren, und deren Verwendung beschrieben. Es werden weiterhin die über die Sequenzen erhältlichen Polypeptide und deren Verwendung beschrieben.		

LEDIGLICH ZUR INFORMATION

Codes zur Identifizierung von PCT-Vertragsstaaten auf den Kopfbögen der Schriften, die internationale Anmeldungen gemäss dem PCT veröffentlichen.

AL	Albanien	ES	Spanien	LS	Lesotho	SI	Slowenien
AM	Armenien	FI	Finnland	LT	Litauen	SK	Slowakei
AT	Österreich	FR	Frankreich	LU	Luxemburg	SN	Senegal
AU	Australien	GA	Gabun	LV	Lettland	SZ	Swasiland
AZ	Aserbaidshan	GB	Vereinigtes Königreich	MC	Monaco	TD	Tschad
BA	Bosnien-Herzegowina	GE	Georgien	MD	Republik Moldau	TG	Togo
BB	Barbados	GH	Ghana	MG	Madagaskar	TJ	Tadschikistan
BE	Belgien	GN	Guinea	MK	Die ehemalige jugoslawische Republik Mazedonien	TM	Turkmenistan
BF	Burkina Faso	GR	Griechenland	ML	Mali	TR	Türkei
BG	Bulgarien	HU	Ungarn	MN	Mongolei	TT	Trinidad und Tobago
BJ	Benin	IE	Irland	MR	Mauretanien	UA	Ukraine
BR	Brasilien	IL	Israel	MW	Malawi	UG	Uganda
BY	Belarus	IS	Island	MX	Mexiko	US	Vereinigte Staaten von Amerika
CA	Kanada	IT	Italien	NE	Niger	UZ	Usbekistan
CF	Zentralafrikanische Republik	JP	Japan	NL	Niederlande	VN	Vietnam
CG	Kongo	KE	Kenia	NO	Norwegen	YU	Jugoslawien
CH	Schweiz	KG	Kirgisistan	NZ	Neuseeland	ZW	Zimbabwe
CI	Côte d'Ivoire	KP	Demokratische Volksrepublik Korea	PL	Polen		
CM	Kamerun	KR	Republik Korea	PT	Portugal		
CN	China	KZ	Kasachstan	RO	Rumänien		
CU	Kuba	LC	St. Lucia	RU	Russische Föderation		
CZ	Tschechische Republik	LI	Liechtenstein	SD	Sudan		
DE	Deutschland	LK	Sri Lanka	SE	Schweden		
DK	Dänemark	LR	Liberia	SG	Singapur		
EE	Estland						

INTERNATIONAL SEARCH REPORT

International Application No
PCT/DE 99/01163

A. CLASSIFICATION OF SUBJECT MATTER

IPC 6 C12N15/12 C07K14/47 C07K16/18 A61K38/17 G01N33/68
C12Q1/68 C12N15/62 A61K48/00 C12N5/10 C12N15/70
C12N15/79 C12N15/10

According to International Patent Classification (IPC) or to both national classification and IPC

B. FIELDS SEARCHED

Minimum documentation searched (classification system followed by classification symbols)

IPC 6 C12N C07K A61K G01N C12Q

Documentation searched other than minimum documentation to the extent that such documents are included in the fields searched

Electronic data base consulted during the international search (name of data base and, where practical, search terms used)

C. DOCUMENTS CONSIDERED TO BE RELEVANT

Category *	Citation of document, with indication, where appropriate, of the relevant passages	Relevant to claim No.
X	HILLIER L ET AL: "Homo sapiens cDNA clone" EMEST DATABASE ENTRY HS859276, ACCESSION NUMBER N33859, 13 January 1996 (1996-01-13), XP002124496 Sequenz ---	1,5-10, 15,38
X	ADAMS MD ET AL: "Jurkat T-cells V Homo sapiens cDNA" EMEST DATABASE ENTRY HSZZ15367, ACCESSION NUMBER AA310233, 18 April 1997 (1997-04-18), XP002124497 Sequenz ---	1,5-10, 15,38
E	WO 99 31236 A (BOUGUELERET LYDIE ;DUCLERT AYMERIC (FR); GENSET (FR); DUMAS MILNE) 24 June 1999 (1999-06-24) SEQ ID Nr: 67,122,123,137,168,223,224,238 ---	1,5-10, 15,23, 24,26,38
-/-		

☒ Further documents are listed in the continuation of box C.

☒ Patent family members are listed in annex.

* Special categories of cited documents:

- *A* document defining the general state of the art which is not considered to be of particular relevance
- *E* earlier document but published on or after the international filing date
- *L* document which may throw doubts on priority claim(s) or which is cited to establish the publication date of another citation or other special reason (as specified)
- *O* document referring to an oral disclosure, use, exhibition or other means
- *P* document published prior to the international filing date but later than the priority date claimed

T later document published after the international filing date or priority date and not in conflict with the application but cited to understand the principle or theory underlying the invention

X document of particular relevance; the claimed invention cannot be considered novel or cannot be considered to involve an inventive step when the document is taken alone

Y document of particular relevance; the claimed invention cannot be considered to involve an inventive step when the document is combined with one or more other such documents, such combination being obvious to a person skilled in the art.

Z document member of the same patent family

Date of the actual completion of the international search

2 December 1999

Date of mailing of the international search report

06.03.00

Name and mailing address of the ISA

European Patent Office, P.B. 5818 Patentlaan 2
NL - 2280 HV Rijswijk
Tel. (+31-70) 340-2040, Tx. 31 651 epo nl,
Fax: (+31-70) 340-3016

Authorized officer

ESPEN, J

INTERNATIONAL SEARCH REPORT

International Application No
PCT/DE 99/01163

C.(Continuation) DOCUMENTS CONSIDERED TO BE RELEVANT		
Category *	Citation of document, with indication, where appropriate, of the relevant passages	Relevant to claim No.
P,X	WO 99 06550 A (LACROIX BRUNO ;DUCLERT AYMERIC (FR); GENSET (FR); DUMAS MILNE EDWA) 11 February 1999 (1999-02-11) SEQ ID Nr: 253,531 ---	1,5-10, 15,23, 24,26,38
P,X	WO 99 06551 A (LACROIX BRUNO ;DUCLERT AYMERIC (FR); GENSET (FR); DUMAS MILNE EDWA) 11 February 1999 (1999-02-11) SEQ ID Nr: 166,324 ---	1,5-10, 15,23, 24,26,38
P,X	WO 98 45436 A (GENETICS INST) 15 October 1998 (1998-10-15) SEQ ID Nr: 276 ---	1,5-10, 15,23, 24,26,38
A	WU, REN-LONG ET AL: "Uroplakin II gene is expressed in transitional cell carcinoma but not in bilharzial bladder squamous cell carcinoma: Alternative pathways of bladder epithelial differentiation and tumor formation." CANCER RESEARCH, (MARCH 15, 1998) VOL. 58, NO. 6, PP. 1291-1297., XP002124498 -----	

INTERNATIONAL SEARCH REPORT

International application No.

PCT/DE99/01163

Box I Observations where certain claims were found unsearchable (Continuation of item 1 of first sheet)

This international search report has not been established in respect of certain claims under Article 17(2)(a) for the following reasons:

1. ☐ Claims Nos.:
because they relate to subject matter not required to be searched by this Authority, namely:
2. ☒ Claims Nos.: 25,35
because they relate to parts of the international application that do not comply with the prescribed requirements to such an extent that no meaningful international search can be carried out, specifically:
See supplemental sheet ADDITIONAL MATTER PCT/ISA/210
3. ☐ Claims Nos.:
because they are dependent claims and are not drafted in accordance with the second and third sentences of Rule 6.4(a).

Box II Observations where unity of invention is lacking (Continuation of item 2 of first sheet)

This International Searching Authority found multiple inventions in this international application, as follows:

See supplemental sheet

1. ☐ As all required additional search fees were timely paid by the applicant, this international search report covers all searchable claims.
2. ☐ As all searchable claims could be searched without effort justifying an additional fee, this Authority did not invite payment of any additional fee.
3. ☐ As only some of the required additional search fees were timely paid by the applicant, this international search report covers only those claims for which fees were paid, specifically claims Nos.:
4. ☒ No required additional search fees were timely paid by the applicant. Consequently, this international search report is restricted to the invention first mentioned in the claims; it is covered by claims Nos.:

1-24, 26-34, 36-38 in part

Remark on Protest

- ☐ The additional search fees were accompanied by the applicant's protest.
☐ No protest accompanied the payment of additional search fees.

INTERNATIONAL SEARCH REPORT

International Application No
PCT/DE99/01163

Continuation of box I.2

Claim No.25 relates to a polypeptide characterized by a desirable quality or property, i.e. the ability to bind to a polypeptide partial sequence according to Claim No.23. The patent claims include all polypeptides that exhibit this quality or property, whereas the patent application provides no support in the description under the terms of Article 5 PCT for such a polypeptide. In the present case, the patent claims lack the appropriate support and the patent application lacks the required disclosure to such an extent that a meaningful search encompassing the scope of protection sought seems impossible, irrespective of the fact that the claims also lack the clarity required in Article 6 PCT, whereby an attempt is made to define to define the polypeptide according to the desired result. The lack of clarity is such that it is impossible to carry out a meaningful search encompassing the scope of protection sought. No search was therefore carried out for the polypeptides to which claim was laid in Claim No. 25.

Claim No. 35 relates to a disproportionately large number of possible products which are unable to be considered as being supported by the description according to the terms of Article 6 PCT and/or disclosed according to the terms of Article 5 PCT. In the present case, the patent claims lack the appropriate support and the patent application lacks the required disclosure to such an extent that a meaningful search encompassing the scope of protection sought seems impossible. No search was therefore carried out for said products.

The applicant is reminded that claims or parts of claims relating to inventions in respect of which no search report has been established need not be the subject of an international preliminary examination (Rule 66.1(e) PCT). The EPO, in its capacity as the authority entrusted with the internal preliminary examination, does not as a general rule conduct a preliminary examination of subject matter for which no search report is available. This also applies to the case where the patent claims were amended after receipt of the international search report (Article 19 PCT) or to the case where the applicant provides new patent claims pursuant to the procedure mentioned in PCT Chapter II.

INTERNATIONAL SEARCH REPORT

International Application No

PCT/DE99/01163

1. Claims Nos. 1-24,26-34; 36-38 in part

Nucleic acid sequence relating to SEQ ID No. 21, an allelic or complementary variation thereof. BAC, PAC and cosmid clones, expression cassette, and host cell containing said sequence. Uses of said nucleic acid sequence and method for the production of a polypeptide, antibodies directed against a polypeptide or fragment which is coded by SEQ ID No. 21. Polypeptide partial sequences relating to SEQ ID No. 430,431 (table II) and the uses thereof. Medicament containing at least one polypeptide partial sequence SEQ ID Nos. 430,431.

2-140 : Claims Nos. 1-24,26-34,36-38

Nucleic acid sequence relating to SEQ ID No. 1-20,22-127,391-403, an allelic or complementary variation thereof. BAC, PAC and cosmid clones, expression cassette, and host cell containing said sequence. Uses of said nucleic acid sequence and method for the production of a polypeptide. Antibodies directed against a polypeptide or fragment which is coded by SEQ ID No.1-20,22-127,391-403. Polypeptide partial sequences relating to SEQ ID No.128-390,404-429 (table II) and the uses thereof. Medicament containing at least one polypeptide partial sequence SEQ ID No.128-390,404-429.

INTERNATIONAL SEARCH REPORT

Information on patent family members

International Application No

PCT/DE 99/01163

Patent document cited in search report	Publication date	Patent family member(s)	Publication date
WO 9931236 A	24-06-1999	AU 1049199 A AU 1503099 A WO 9925825 A AU 2294499 A WO 9940189 A	07-06-1999 05-07-1999 27-05-1999 23-08-1999 12-08-1999
WO 9906550 A	11-02-1999	AU 8555198 A	22-02-1999
WO 9906551 A	11-02-1999	AU 8555498 A	22-02-1999
WO 9845436 A	15-10-1998	AU 6891098 A EP 0973896 A	30-10-1998 26-01-2000

INTERNATIONALER RESEARCHBERICHT

Internationales Aktenzeichen

PCr/DE 99/01163

A. KLASIFIZIERUNG DES ANMELDUNGSGEGENSTANDES

IPK 6 C12N15/12 C07K14/47 C07K16/18 A61K38/17 G01N33/68
C12Q1/68 C12N15/62 A61K48/00 C12N5/10 C12N15/70
C12N15/79 C12N15/10

Nach der Internationalen Patentklassifikation (IPK) oder nach der nationalen Klassifikation und der IPK

B. RECHERCHIERTE GEBIETE

Recherchierter Mindestprüfstoff (Klassifikationssystem und Klassifikationssymbole)

IPK 6 C12N C07K A61K G01N C12Q

Recherchierte aber nicht zum Mindestprüfstoff gehörende Veröffentlichungen, soweit diese unter die recherchierten Gebiete fallen

Während der internationalen Recherche konsultierte elektronische Datenbank (Name der Datenbank und evtl. verwendete Suchbegriffe)

C. ALS WESENTLICH ANGESEHENE UNTERLAGEN

Kategorie*	Bezeichnung der Veröffentlichung, soweit erforderlich unter Angabe der in Betracht kommenden Teile	Betr. Anspruch Nr.
X	HILLIER L ET AL: "Homo sapiens cDNA clone" EMEST DATABASE ENTRY HS859276, ACCESSION NUMBER N33859, 13. Januar 1996 (1996-01-13), XP002124496 Sequenz ---	1,5-10, 15,38
X	ADAMS MD ET AL: "Jurkat T-cells V Homo sapiens cDNA" EMEST DATABASE ENTRY HSZZ15367, ACCESSION NUMBER AA310233, 18. April 1997 (1997-04-18), XP002124497 Sequenz ---	1,5-10, 15,38
E	WO 99 31236 A (BOUGUELERET LYDIE ;DUCLERT AYMERIC (FR); GENSET (FR); DUMAS MILNE) 24. Juni 1999 (1999-06-24) SEQ ID Nr: 67,122,123,137,168,223,224,238 ---	1,5-10, 15,23, 24,26,38
-/-		

☒ Weitere Veröffentlichungen sind der Fortsetzung von Feld C zu entnehmen

☒ Siehe Anhang Patentfamilie

* Besondere Kategorien von angegebenen Veröffentlichungen :

A Veröffentlichung, die den allgemeinen Stand der Technik definiert, aber nicht als besonders bedeutsam anzusehen ist

E älteres Dokument, das jedoch erst am oder nach dem internationalen Anmeldedatum veröffentlicht worden ist

L Veröffentlichung, die geeignet ist, einen Prioritätsanspruch zweifelhaft erscheinen zu lassen, oder durch die das Veröffentlichungsdatum einer anderen im Recherchenbericht genannten Veröffentlichung belegt werden soll oder die aus einem anderen besonderen Grund angegeben ist (wie ausgeführt)

O Veröffentlichung, die sich auf eine mündliche Offenbarung, eine Benutzung, eine Ausstellung oder andere Maßnahmen bezieht

P Veröffentlichung, die vor dem internationalen Anmeldedatum, aber nach dem beanspruchten Prioritätsdatum veröffentlicht worden ist

T Spätere Veröffentlichung, die nach dem internationalen Anmeldedatum oder dem Prioritätsdatum veröffentlicht worden ist und mit der Anmeldung nicht kollidiert, sondern nur zum Verständnis des der Erfindung zugrundeliegenden Prinzips oder der ihr zugrundeliegenden Theorie angegeben ist

X Veröffentlichung von besonderer Bedeutung; die beanspruchte Erfindung kann allein aufgrund dieser Veröffentlichung nicht als neu oder auf erfinderischer Tätigkeit beruhend betrachtet werden

Y Veröffentlichung von besonderer Bedeutung; die beanspruchte Erfindung kann nicht als auf erfinderischer Tätigkeit beruhend betrachtet werden, wenn die Veröffentlichung mit einer oder mehreren anderen Veröffentlichungen dieser Kategorie in Verbindung gebracht wird und diese Verbindung für einen Fachmann naheliegend ist

Z Veröffentlichung, die Mitglied derselben Patentfamilie ist

Datum des Abschlusses der internationalen Recherche

2. Dezember 1999

Absendedatum des internationalen Recherchenberichts

06.03.00

Name und Postanschrift der Internationalen Recherchenbehörde

Europäisches Patentamt, P.B. 5818 Patentlaan 2
NL - 2280 HV Rijswijk
Tel. (+31-70) 340-2040, Tx. 31 651 epo nl,
Fax: (+31-70) 340-3016

Bevollmächtigter Bediensteter

ESPEN, J

INTERNATIONALER RECHERCHENBERICHT

ationales Aktenzeichen

PLT/DE 99/01163

C.(Fortsetzung) ALS WESENTLICH ANGESEHENE UNTERLAGEN

Kategorie*	Bezeichnung der Veröffentlichung, soweit erforderlich unter Angabe der in Betracht kommenden Teile	Betr. Anspruch Nr.
P,X	WO 99 06550 A (LACROIX BRUNO ;DUCLERT AYMERIC (FR); GENSET (FR); DUMAS MILNE EDWA) 11. Februar 1999 (1999-02-11) SEQ ID Nr: 253,531 ---	1,5-10, 15,23, 24,26,38
P,X	WO 99 06551 A (LACROIX BRUNO ;DUCLERT AYMERIC (FR); GENSET (FR); DUMAS MILNE EDWA) 11. Februar 1999 (1999-02-11) SEQ ID Nr: 166,324 ---	1,5-10, 15,23, 24,26,38
P,X	WO 98 45436 A (GENETICS INST) 15. Oktober 1998 (1998-10-15) SEQ ID Nr: 276 ---	1,5-10, 15,23, 24,26,38
A	WU, REN-LONG ET AL: "Uroplakin II gene is expressed in transitional cell carcinoma but not in bilharzial bladder squamous cell carcinoma: Alternative pathways of bladder epithelial differentiation and tumor formation." CANCER RESEARCH, (MARCH 15, 1998) VOL. 58, NO. 6, PP. 1291-1297., XP002124498 -----	

INTERNATIONALER RECHERCHENBERICHT

ationales Aktenzeichen

PCT/DE 99/01163

Feld I Bemerkungen zu den Ansprüchen, die sich als nicht recherchierbar erwiesen haben (Fortsetzung von Punkt 2 auf Blatt 1)

Gemäß Artikel 17(2)a) wurde aus folgenden Gründen für bestimmte Ansprüche kein Recherchenbericht erstellt:

1. ☐ Ansprüche Nr.
 weil sie sich auf Gegenstände beziehen, zu deren Recherche die Behörde nicht verpflichtet ist, nämlich

2. ☒ Ansprüche Nr. 25, 35
 weil sie sich auf Teile der internationalen Anmeldung beziehen, die den vorgeschriebenen Anforderungen so wenig entsprechen, daß eine sinnvolle internationale Recherche nicht durchgeführt werden kann, nämlich
 siehe Zusatzblatt WEITERE ANGABEN PCT/ISA/210

3. ☐ Ansprüche Nr.
 weil es sich dabei um abhängige Ansprüche handelt, die nicht entsprechend Satz 2 und 3 der Regel 6.4 a) abgefaßt sind.

Feld II Bemerkungen bei mangelnder Einheitlichkeit der Erfindung (Fortsetzung von Punkt 3 auf Blatt 1)

Die internationale Recherchenbehörde hat festgestellt, daß diese internationale Anmeldung mehrere Erfindungen enthält:

siehe Zusatzblatt

1. ☐ Da der Anmelder alle erforderlichen zusätzlichen Recherchegebühren rechtzeitig entrichtet hat, erstreckt sich dieser internationale Recherchenbericht auf alle recherchierbaren Ansprüche.

2. ☐ Da für alle recherchierbaren Ansprüche die Recherche ohne einen Arbeitsaufwand durchgeführt werden konnte, der eine zusätzliche Recherchegebühr gerechtfertigt hätte, hat die Behörde nicht zur Zahlung einer solchen Gebühr aufgefordert.

3. ☐ Da der Anmelder nur einige der erforderlichen zusätzlichen Recherchegebühren rechtzeitig entrichtet hat, erstreckt sich dieser internationale Recherchenbericht nur auf die Ansprüche, für die Gebühren entrichtet worden sind, nämlich auf die Ansprüche Nr.

4. ☒ Der Anmelder hat die erforderlichen zusätzlichen Recherchegebühren nicht rechtzeitig entrichtet. Der internationale Recherchenbericht beschränkt sich daher auf die in den Ansprüchen zuerst erwähnte Erfindung; diese ist in folgenden Ansprüchen erfaßt:
 1-24, 26-34, 36-38 teilweise

Bemerkungen hinsichtlich eines Widerspruchs

- ☐ Die zusätzlichen Gebühren wurden vom Anmelder unter Widerspruch gezahlt.
- ☐ Die Zahlung zusätzlicher Recherchegebühren erfolgte ohne Widerspruch.

WEITERE ANGABEN

PCT/ISA/ 210

Fortsetzung von Feld I.2

Ansprüche Nr.: 25,35

Der geltende Patentanspruch 25 bezieht sich auf ein Polypeptid, charakterisiert durch eine erstrebenswerte Eigenheit oder Eigenschaft, nämlich die Fähigkeit an eine Polypeptid-Teilsequenz gemäss Anspruch 23 zu binden. Die Patentansprüche umfassen daher alle Polypeptide, die diese Eigenheit oder Eigenschaft aufweisen, wohingegen die Patentanmeldung keine Stütze durch die Beschreibung im Sinne von Art. 5 PCT für solch ein Polypeptid liefert. Im vorliegenden Fall fehlen den Patentansprüchen die entsprechende Stütze bzw. der Patentanmeldung die nötige Offenbarung in einem solchen Maße, daß eine sinnvolle Recherche über den erstrebten Schutzbereich unmöglich erscheint. Desungeachtet fehlt den Patentansprüchen auch die in Art. 6 PCT geforderte Klarheit, nachdem in ihnen versucht wird, das Polypeptid über das jeweils erstrebte Ergebnis zu definieren. Auch dieser Mangel an Klarheit ist dergestalt, daß er eine sinnvolle Recherche über den erstrebten Schutzbereich unmöglich macht. Daher wurde keine Recherche für die in Anspruch 25 beanspruchten Polypeptide ausgeführt.

Der geltende Patentanspruch 35 bezieht sich auf eine unverhältnismäßig große Zahl möglicher Produkte, welche sich weder im Sinne von Art. 6 PCT auf die Beschreibung stützen und/oder noch im Sinne von Art. 5 PCT als in der Patentanmeldung offenbart gelten können. Im vorliegenden Fall fehlt den Patentansprüchen die entsprechende Stütze und fehlt der Patentanmeldung die nötige Offenbarung in einem solchen Maße, daß eine sinnvolle Recherche über den erstrebten Schutzbereich unmöglich erscheint. Daher wurde keine Recherche für besagte Produkte ausgeführt.

Der Anmelder wird darauf hingewiesen, daß Patentansprüche, oder Teile von Patentansprüchen, auf Erfindungen, für die kein internationaler Recherchenbericht erstellt wurde, normalerweise nicht Gegenstand einer internationalen vorläufigen Prüfung sein können (Regel 66.1(e) PCT). In seiner Eigenschaft als mit der internationalen vorläufigen Prüfung beauftragte Behörde wird das EPA also in der Regel keine vorläufige Prüfung für Gegenstände durchführen, zu denen keine Recherche vorliegt. Dies gilt auch für den Fall, daß die Patentansprüche nach Erhalt des internationalen Recherchenberichtes geändert wurden (Art. 19 PCT), oder für den Fall, daß der Anmelder im Zuge des Verfahrens gemäß Kapitel II PCT neue Patentansprüche vorlegt.

WEITERE ANGABEN

PCT/ISA/ 210

1. Ansprüche: teilweise: 1-24,26-34,36-38

Nukleinsäuresequenz sich beziehend auf SEQ ID No 21, eine allelische oder komplementäre Variante davon. BAC, PAC und Cosmid-Klone, Expressionskassette, sowie Wirtszelle diese Sequenz enthaltend. Verwendungen besagter Nukleinsäuresequenz und Verfahren zur Herstellung eines Polypeptids. Antikörper, gerichtet gegen ein Polypeptid oder Fragment, welches von der SEQ ID NO 21 Sequenz kodiert wird. Polypeptidteilsequenzen sich beziehend auf SEQ ID No 430,431 (Tabelle II) und deren Verwendungen. Arzneimittel, enthaltend mindestens eine Polypeptid Teilsequenz SEQ ID Nos 430,431.

2-140: Ansprüche: teilweise: 1-24,26-34,36-38

Nukleinsäuresequenz sich beziehend auf SEQ ID No 1-20,22-127,391-403, eine allelische oder komplementäre Variante davon. BAC, PAC und Cosmid-Klone, Expressionskassette, sowie Wirtszelle diese Sequenz enthaltend. Verwendungen besagter Nukleinsäuresequenz und Verfahren zur Herstellung eines Polypeptids. Antikörper, gerichtet gegen ein Polypeptid oder Fragment, welches von der SEQ ID NO 1-20,22-127,391-403 Sequenz kodiert wird. Polypeptidteilsequenzen sich beziehend auf SEQ ID No 128-390,404-429 und deren Verwendungen. Arzneimittel, enthaltend mindestens eine Polypeptid Teilsequenz SEQ ID No 128-390,404-429.

INTERNATIONALE RECHERCHENBERICHT

Angaben zu Veröffentlichung, die zur selben Patentfamilie gehören

tionales Aktenzeichen

PCT/DE 99/01163

Im Recherchenbericht angeführtes Patentdokument	Datum der Veröffentlichung	Mitglied(er) der Patentfamilie	Datum der Veröffentlichung
WO 9931236 A	24-06-1999	AU 1049199 A	07-06-1999
		AU 1503099 A	05-07-1999
		WO 9925825 A	27-05-1999
		AU 2294499 A	23-08-1999
		WO 9940189 A	12-08-1999
WO 9906550 A	11-02-1999	AU 8555198 A	22-02-1999
WO 9906551 A	11-02-1999	AU 8555498 A	22-02-1999
WO 9845436 A	15-10-1998	AU 6891098 A	30-10-1998
		EP 0973896 A	26-01-2000

PCT

WELTORGANISATION FÜR GEISTIGES EIGENTUM
Internationales Büro



INTERNATIONALE ANMELDUNG VERÖFFENTLICHT NACH DEM VERTRAG ÜBER DIE
INTERNATIONALE ZUSAMMENARBEIT AUF DEM GEBIET DES PATENTWESENS (PCT)

(51) Internationale Patentklassifikation ⁶ : C12N 15/12, C07K 14/47, 16/18, A61K 38/17, G01N 33/68, C12Q 1/68, C12N 15/62, A61K 48/00, C12N 5/10, 15/70, 15/79, 15/10	A2	(11) Internationale Veröffentlichungsnummer: WO 99/54460
		(43) Internationales Veröffentlichungsdatum: 28. Oktober 1999 (28.10.99)
(21) Internationales Aktenzeichen: PCT/DE99/01163 (22) Internationales Anmeldedatum: 15. April 1999 (15.04.99) (30) Prioritätsdaten: 198 18 620.7 21. April 1998 (21.04.98) DE (71) Anmelder (für alle Bestimmungsstaaten ausser US): META-GEN GESELLSCHAFT FÜR GENOMFORSCHUNG MBH [DE/DE]; Ihnestrasse 63, D-14195 Berlin (DE). (72) Erfinder; und (75) Erfinder/Anmelder (nur für US): SPECHT, Thomas [DE/DE]; Grabenstrasse 14, D-12209 Berlin (DE). HINZMANN, Bernd [DE/DE]; Parkstrasse 19, D-13127 Berlin (DE). SCHMITT, Armin [DE/DE]; Laubacher Strasse 6/II, D-14197 Berlin (DE). PILARSKY, Christian [DE/DE]; Heinrich-Lange-Strasse 13c, D-01474 Schönfeld-Weissig (DE). DAHL, Edgar [DE/DE]; Eleonore-Procheska-Strasse 6, D-14480 Potsdam (DE). ROSENTHAL, André [DE/DE]; Koppenplatz 10, D-10115 Berlin (DE).	(81) Bestimmungsstaaten: JP, US, europäisches Patent (AT, BE, CH, CY, DE, DK, ES, FI, FR, GB, GR, IE, IT, LU, MC, NL, PT, SE). Veröffentlicht <i>Ohne internationalen Recherchenbericht und erneut zu veröffentlichen nach Erhalt des Berichts.</i>	
(54) Title: HUMAN NUCLEIC ACID SEQUENCES OF NORMAL BLADDER TISSUE (54) Bezeichnung: MENSCHLICHE NUKLEINSÄURESEQUENZEN AUS NORMALEM BLASENGEWEBE (57) Abstract The invention relates to human nucleic acid sequences (mRNA, cDNA, genomic sequences) of normal bladder tissue, coding for genetic products or parts thereof, in addition to the use thereof. The invention also relates to the polypeptides that can be obtained according to said sequences and to the use thereof. (57) Zusammenfassung Es werden menschliche Nukleinsäuresequenzen – mRNA, cDNA, genomische Sequenzen – aus Blasennormalgewebe, die für Genprodukte oder Teile davon kodieren, und deren Verwendung beschrieben. Es werden weiterhin die über die Sequenzen erhältlichen Polypeptide und deren Verwendung beschrieben.		

LEDIGLICH ZUR INFORMATION

Codes zur Identifizierung von PCT-Vertragsstaaten auf den Kopfbögen der Schriften, die internationale Anmeldungen gemäss dem PCT veröffentlichen.

AL	Albanien	ES	Spanien	LS	Lesotho	SI	Slowenien
AM	Armenien	FI	Finnland	LT	Litauen	SK	Slowakei
AT	Österreich	FR	Frankreich	LU	Luxemburg	SN	Senegal
AU	Australien	GA	Gabun	LV	Lettland	SZ	Swasiland
AZ	Aserbaidshan	GB	Vereinigtes Königreich	MC	Monaco	TD	Tschad
BA	Bosnien-Herzegowina	GE	Georgien	MD	Republik Moldau	TG	Togo
BB	Barbados	GH	Ghana	MG	Madagaskar	TJ	Tadschikistan
BE	Belgien	GN	Guinea	MK	Die ehemalige jugoslawische Republik Mazedonien	TM	Turkmenistan
BF	Burkina Faso	GR	Griechenland	ML	Mali	TR	Türkei
BG	Bulgarien	HU	Ungarn	MN	Mongolei	TT	Trinidad und Tobago
BJ	Benin	IE	Irland	MR	Mauretanien	UA	Ukraine
BR	Brasilien	IL	Israel	MW	Malawi	UG	Uganda
BY	Belarus	IS	Island	MX	Mexiko	US	Vereinigte Staaten von Amerika
CA	Kanada	IT	Italien	NE	Niger	UZ	Usbekistan
CF	Zentralafrikanische Republik	JP	Japan	NL	Niederlande	VN	Vietnam
CG	Kongo	KE	Kenia	NO	Norwegen	YU	Jugoslawien
CH	Schweiz	KG	Kirgisistan	NZ	Neuseeland	ZW	Zimbabwe
CI	Côte d'Ivoire	KP	Demokratische Volksrepublik Korea	PL	Polen		
CM	Kamerun	KR	Republik Korea	PT	Portugal		
CN	China	KZ	Kasachstan	RO	Rumänien		
CU	Kuba	LC	St. Lucia	RU	Russische Föderation		
CZ	Tschechische Republik	LI	Liechtenstein	SD	Sudan		
DE	Deutschland	LK	Sri Lanka	SE	Schweden		
DK	Dänemark	LR	Liberia	SG	Singapur		
EE	Estland						

Menschliche Nukleinsäuresequenzen aus normalem Blasengewebe

Die Erfindung betrifft menschliche Nukleinsäuresequenzen aus
5 Blasennormalgewebe, die für Genprodukte oder Teile davon kodieren, deren
funktionale Gene, die mindestens ein biologisch aktives Polypeptid kodieren und
deren Verwendung.
Die Erfindung betrifft weiterhin die über die Sequenzen erhältlichen Polypeptide und
deren Verwendung.

10 Eine der Hauptkrebstodesursachen ist der Blasen-tumor, für dessen Bekämpfung
neue Therapien notwendig sind. Bisher verwendete Therapien, wie z.B.
Chemotherapie, Hormontherapie oder chirurgische Entfernung des Tumorgewebes,
führen häufig nicht zu einer vollständigen Heilung.

15 Das Phänomen Krebs geht häufig einher mit der Über- oder Unterexpression
gewisser Gene in den entarteten Zellen, wobei noch unklar ist, ob diese veränderten
Expressionsraten Ursache oder Folge der malignen Transformation sind. Die
Identifikation solcher Gene wäre ein wesentlicher Schritt für die Entwicklung neuer
20 Therapien gegen Krebs. Der spontanen Entstehung von Krebs geht häufig eine
Vielzahl von Mutationen voraus. Diese können verschiedenste Auswirkungen auf das
Expressionsmuster in dem betroffenen Gewebe haben, wie z.B. Unter- oder
Überexpression, aber auch Expression verkürzter Gene. Mehrere solcher
Veränderungen durch solche Mutationskaskaden können schließlich zu bösartigen
25 Entartungen führen. Die Komplexität solcher Zusammenhänge erschwert die
experimentelle Herangehensweise sehr.

Für die Suche nach Kandidatengen, d.h. Genen, die im Vergleich zum
Tumorgewebe im normalen Gewebe stärker exprimiert werden, wird eine Datenbank
30 verwendet, die aus sogenannten ESTs besteht. ESTs (Expressed Sequence Tags)
sind Sequenzen von cDNAs, d.h. revers transkribierten mRNAs, den Molekülen also,
die die Expression von Genen widerspiegeln. Die EST-Sequenzen werden für
normale und entartete Gewebe ermittelt. Solche Datenbanken werden von
verschiedenen Betreibern z.T. kommerziell angeboten. Die ESTs der LifeSeq-
35 Datenbank, die hier verwendet wird, sind in der Regel zwischen 150 und 350
Nukleotide lang. Sie repräsentieren ein für ein bestimmtes Gen unverkennbares
Muster, obwohl dieses Gen normalerweise sehr viel länger ist (> 2000 Nukleotide).
Durch Vergleich der Expressionsmuster von normalen und Tumorgewebe können
ESTs identifiziert werden, die für die Tumorentstehung und -proliferation wichtig sind.
40 Es besteht jedoch folgendes Problem: Da durch unterschiedliche Konstruktionen der
cDNA-Bibliotheken die gefundenen EST-Sequenzen zu unterschiedlichen Regionen
eines unbekannten Gens gehören können, ergäbe sich in einem solchen Fall ein
völlig falsches Verhältnis des Vorkommens dieser ESTs in dem jeweiligen Gewebe.
Dieses würde erst bemerkt werden, wenn das vollständige Gen bekannt ist und somit
45 die ESTs dem gleichen Gen zugeordnet werden können.

Es wurde nun gefunden, daß diese Fehlermöglichkeit verringert werden kann, wenn
zuvor sämtliche ESTs aus dem jeweiligen Gewebetyp assembliert werden, bevor die
Expressionsmuster miteinander verglichen werden. Es wurden also überlappende
ESTs ein und desselben Gens zu längeren Sequenzen zusammengefaßt (s. Fig. 1,
50 Fig. 2a und Fig.3). Durch diese Verlängerung und damit Abdeckung eines wesentlich
größeren Genbereichs in jeder der jeweiligen Banken sollte der oben beschriebene
Fehler weitgehendst vermieden werden. Da es hierzu keine bestehenden

Softwareprodukte gab, wurden Programme für das Assemblieren von genomischen Abschnitten verwendet, die abgewandelt eingesetzt und durch eigene Programme ergänzt wurden. Ein Flowchart der Assemblierungsprozedur ist in Fig. 2b1 – 2b4 dargestellt.

Es konnten nun die Nukleinsäure-Sequenzen Seq. ID No 1-127, 391-403 gefunden werden, die als Kandidatengene beim Blasen-tumor eine Rolle spielen.

Von besonderem Interesse sind die Nukleinsäure-Sequenzen Seq. ID No 21, 24-27, 29-40, 43, 44, 46-48, 50-63, 65, 67, 69, 72, 73, 75, 77-80, 82, 83, 85-86, 88, 90, 92-127, 391-403.

Die Erfindung betrifft somit Nukleinsäure-Sequenzen, die ein Genprodukt oder ein Teil davon kodieren, umfassend

- a) eine Nukleinsäure-Sequenz, ausgewählt aus der Gruppe der Nukleinsäure-Sequenzen Seq. ID No 21, 24-27, 29-40, 43, 44, 46-48, 50-63, 65, 67, 69, 72, 73, 75, 77-80, 82, 83, 85-86, 88, 90, 92-127, 391-403.
- b) eine allelische Variation der unter a) genannten Nukleinsäure-Sequenzen
- oder
- c) eine Nukleinsäure-Sequenz, die komplementär zu den unter a) oder b) genannten Nukleinsäure-Sequenzen ist.

Die Erfindung betrifft weiterhin eine Nukleinsäure-Sequenz gemäß einer der Sequenzen Seq. ID No 21, 24-27, 29-40, 43, 44, 46-48, 50-63, 65, 67, 69, 72, 73, 75, 77-80, 82, 83, 85-86, 88, 90, 92-127, 391-403 oder eine komplementäre oder allelische Variante davon und die Nukleinsäure-Sequenzen davon, die eine 90%ige bis 95% ige Homologie zu einer humanen Nukleinsäure-Sequenz aufweisen.

Die Erfindung betrifft auch die Nukleinsäure-Sequenzen Seq. ID No 1-127, 391-403, die im Blasen-normalgewebe erhöht exprimiert sind.

Die Erfindung betrifft ferner Nukleinsäure-Sequenzen, umfassend einen Teil der oben genannten Nukleinsäure-Sequenzen, in solch einer ausreichenden Größe, daß sie mit den Sequenzen Seq. ID No 1-127, 391-403 hybridisieren.

Die erfindungsgemäßen Nukleinsäure-Sequenzen weisen im allgemeinen eine Länge von mindestens 50 bis 4500 bp, vorzugsweise eine Länge von mindestens 150 bis 4000 bp, insbesondere eine Länge von 450 bis 3500 bp auf.

Mit den erfindungsgemäßen Teilsequenzen Seq. ID No 1-127, 391-403 können gemäß gängiger Verfahrenspraxis auch Expressionskassetten konstruiert werden, wobei auf der Kassette mindestens eine der erfindungsgemäßen Nukleinsäure-Sequenzen zusammen mit mindestens einer dem Fachmann allgemein bekannten Kontroll- oder regulatorischen Sequenz, wie z. B. einem geeigneten Promotor,

kombiniert wird. Die erfindungsgemäßen Sequenzen können in sense oder antisense Orientierung eingefügt sein.

5 In der Literatur sind ist eine große Anzahl von Expressionskassetten bzw. Vektoren und Promotoren bekannt, die verwendet werden können.

Unter Expressionskassetten bzw. Vektoren sind zu verstehen: 1. bakterielle, wie z. B., phagescript, pBs, ϕ X174, pBluescript SK, pBs KS, pNH8a, pNH16a, pNH18a, pNH46a (Stratagene), pTrc99A, pKK223-3, pKK233-3, pDR540, pRIT5 (Pharmacia),
10 2. eukaryontische, wie z. B. pWLneo, pSV2cat, pOG44, pXT1, pSG (Stratagene), pSVK3, pBPV, pMSG, pSVL (Pharmacia).

Unter Kontroll- oder regulatorischer Sequenz sind geeignete Promotoren zu verstehen. Hierbei sind zwei bevorzugte Vektoren der pKK232-8 und der PCM7
15 Vektor. Im einzelnen sind folgende Promotoren gemeint: lacI, lacZ, T3, T7, gpt, lambda P_R, trc, CMV, HSV Thymidin-Kinase, SV40, LTRs aus Retrovirus und Maus Metallothionein-I.

Die auf der Expressionskassette befindlichen DNA-Sequenzen können ein
20 Fusionsprotein kodieren, das ein bekanntes Protein und ein biologisch aktives Polypeptid-Fragment umfaßt.

Die Expressionskassetten sind ebenfalls Gegenstand der vorliegenden Erfindung.

25 Die erfindungsgemäßen Nukleinsäure-Fragmente können zur Herstellung von Vollängen-Genen verwendet werden. Die erhältlichen Gene sind ebenfalls Gegenstand der vorliegenden Erfindung.

Die Erfindung betrifft auch die Verwendung der erfindungsgemäßen Nukleinsäure-Sequenzen, sowie die aus der Verwendung erhältlichen Gen-Fragmente.
30

Die erfindungsgemäßen Nukleinsäure-Sequenzen können mit geeigneten Vektoren in Wirtszellen gebracht werden, in denen als heterologer Teil die auf den Nukleinsäure-Fragmenten enthaltene genetischen Information befindet, die
35 exprimiert wird.

Die die Nukleinsäure-Fragmente enthaltenden Wirtszellen sind ebenfalls Gegenstand der vorliegenden Erfindung.

40 Geeignete Wirtszellen sind z. B. prokaryontische Zellsysteme wie E. coli oder eukaryontische Zellsysteme wie tierische oder humane Zellen oder Hefen.

Die erfindungsgemäßen Nukleinsäure-Sequenzen können in sense oder antisense Form verwendet werden.

45 Die Herstellung der Polypeptide oder deren Fragment erfolgt durch Kultivierung der Wirtszellen gemäß gängiger Kultivierungsmethoden und anschließender Isolierung und Aufreinigung der Peptide bzw. Fragmente, ebenfalls mittels gängiger Verfahren. Die Erfindung betrifft ferner Nukleinsäure-Sequenzen, die mindestens eine
50 Teilsequenz eines biologisch aktiven Polypeptids kodieren.

Ferner betrifft die vorliegende Erfindung Polypeptid-Teilsequenzen, sogenannte ORF (open-reading-frame)-Peptide, gemäß den Sequenzprotokollen Seq. ID No 128-390, 404-431.

- 5 Die Erfindung betrifft ferner die Polypeptid-Sequenzen, die mindestens eine 80%ige Homologie, insbesondere eine 90%ige Homologie zu den erfindungsgemäßen Polypeptid-Teilsequenzen der Seq. ID No 128-390, 404-431 aufweisen.

- 10 Die Erfindung betrifft auch Antikörper, die gegen ein Polypeptid oder Fragment davon gerichtete sind, welche von den erfindungsgemäßen Nukleinsäuren der Sequenzen Seq. ID No 1-127, 391-403 kodiert werden.

Unter Antikörper sind insbesondere monoklonale Antikörper zu verstehen.

- 15 Die erfindungsgemäßen Antikörper können u.a. durch ein Phage Display Verfahren identifiziert werden. Auch diese Antikörper sind Gegenstand der Erfindung.

- 20 Die erfindungsgemäßen Polypeptid-Teilsequenzen können in einem Phage Display Verfahren verwendet werden. Die mit diesem Verfahren identifizierten Polypeptide, die an die erfindungsgemäßen Polypeptid-Teilsequenzen binden, sind auch Gegenstand der Erfindung.

- 25 Ebenso können die erfindungsgemäßen Nukleinsäure-Sequenzen in einem Phage Display Verfahren verwendet werden.

- Die erfindungsgemäßen Polypeptide der Sequenzen Seq. ID No 128-390, 404-431 können auch als Tool zum Auffinden von Wirkstoffen gegen den Blasentumor verwendet werden, was ebenfalls Gegenstand der vorliegenden Erfindung ist.

- 30 Ebenfalls Gegenstand der vorliegenden Erfindung ist die Verwendung der Nukleinsäure-Sequenzen gemäß den Sequenzen Seq. ID No 1-127, 391-403 zur Expression von Polypeptiden, die als Tools zum Auffinden von Wirkstoffen gegen den Blasentumor verwendet werden können.

- 35 Die Erfindung betrifft auch die Verwendung der gefundenen Polypeptid-Teilsequenzen Seq. ID No 128-390, 404-431 als Arzneimittel in der Gentherapie zur Behandlung gegen den Blasentumor, bzw. zur Herstellung eines Arzneimittels zur Behandlung gegen den Blasentumor.

- 40 Die Erfindung betrifft auch Arzneimittel, die mindestens eine Polypeptid-Teilsequenz Seq. ID No 128-390, 404-431 enthalten.

- Die gefundenen erfindungsgemäßen Nukleinsäure-Sequenzen können auch genomische oder mRNA-Sequenzen sein.

- 45 Die Erfindung betrifft auch genomische Gene, ihre Exon- und Intronstruktur und deren Spleißvarianten, erhältlich aus den cDNAs der Sequenzen Seq. ID No 1-127, 391-403, sowie deren Verwendung zusammen mit geeigneten regulativen Elementen, wie geeigneten Promotoren und/ oder Enhancern.

Mit den erfindungsgemäßen Nukleinsäuren (cDNA-Sequenzen) Seq. ID No 1-127, 391-403 werden genomische BAC-, PAC- und Cosmid-Bibliotheken gescreent und über komplementäre Basenpaarung (Hybridisierung) spezifisch humane Klone isoliert. Die so isolierten BAC-, PAC- und Cosmid-Klone werden mit Hilfe der
5 Fluoreszenz-in-situ-Hybridisation auf Metaphasenchromosomen hybridisiert und entsprechende Chromosomenabschnitte identifiziert, auf denen die entsprechenden genomischen Gene liegen. BAC-, PAC- und Cosmid-Klone werden sequenziert, um die entsprechenden genomischen Gene in ihrer vollständigen Struktur (Promotoren, Enhancer, Silencer, Exons und Introns) aufzuklären. BAC-, PAC- und Cosmid-Klone
10 können als eigenständige Moleküle für den Gentransfer eingesetzt werden (s. Fig. 5).

Die Erfindung betrifft auch BAC-, PAC- und Cosmid-Klone, enthaltend funktionelle Gene und ihre chromosomale Lokalisation, entsprechend den Sequenzen Seq. ID No 1-127, 391-403, zur Verwendung als Vehikel zum Gentransfer.

15

Bedeutungen von Fachbegriffen und Abkürzungen

5	Nukleinsäuren=	Unter Nukleinsäuren sind in der vorliegenden Erfindung zu verstehen: mRNA, partielle cDNA, vollständige cDNA und genomische Gene (Chromosomen).
	ORF =	Open Reading Frame, eine definierte Abfolge von Aminosäuren, die von der cDNA-Sequenz abgeleitet werden kann.
10	Contig =	eine Menge von DNA-Sequenzen, die aufgrund sehr großer Ähnlichkeiten zu einer Sequenz zusammengefaßt werden können (Consensus)
	Singleton=	ein Contig, der nur eine Sequenz enthält
15	Modul =	Domäne eines Proteins mit einer definierten Sequenz, die eine strukturelle Einheit darstellt und in unterschiedlichen Proteinen vorkommt
20	N =	wahlweise das Nukleotid A, T, G oder C
	X =	wahlweise eine der 20 natürlich vorkommenden Aminosäuren

25 Erklärung zu den Alignmentparametern

	minimal initial match=	minimaler anfänglicher Identitätsbereich
	maximum pads per read=	maximale Anzahl von Insertionen
30	maximum percent mismatch=	maximale Abweichung in %

Erklärung der Abbildungen

35	Fig. 1	zeigt die systematische Gen-Suche in der Incyte LifeSeq Datenbank.
	Fig. 2a	zeigt das Prinzip der EST-Assemblierung
40	Fig. 2b1-2b4	zeigt das gesamte Prinzip der EST-Assemblierung
	Fig. 3	zeigt die in silico Subtraktion der Genexpression in verschiedenen Geweben
45	Fig. 4a	zeigt die Bestimmung der gewebsspezifischen Expression über elektronischen Northern.
	Fig. 4b	zeigt den elektronischen Northern
50	Fig. 5	zeigt die Isolierung von genomischen BAC- und PAC-Klonen.

Die nachfolgenden Beispiele erläutern die Herstellung der erfindungsgemäßen Nukleinsäure-Sequenzen, ohne die Erfindung auf diese Beispiele und Nukleinsäure-Sequenzen zu beschränken.

5

Beispiel 1

Suche nach Tumor-bezogenen Kandidatengen

10

Zuerst wurden sämtliche ESTs des entsprechenden Gewebes aus der LifeSeq-Datenbank (vom Oktober 1997) extrahiert. Diese wurden dann mittels des Programms GAP4 des Staden-Pakets mit den Parametern 0% mismatch, 8 pads per read und einem minimalen match von 20 assembliert. Die nicht in die GAP4-Datenbank aufgenommenen Sequenzen (Fails) wurden erst bei 1% mismatch und dann nochmals bei 2% mismatch mit der Datenbank assembliert. Aus den Contigs der Datenbank, die aus mehr als einer Sequenz bestanden, wurden Consensussequenzen errechnet. Die Singletons der Datenbank, die nur aus einer Sequenz bestanden, wurden mit den nicht in die GAP4-Datenbank aufgenommenen Sequenzen bei 2% mismatch erneut assembliert. Wiederum wurden für die Contigs die Consensussequenzen ermittelt. Alle übrigen ESTs wurden bei 4% mismatch erneut assembliert. Die Consensussequenzen sowie den Singletons und den nicht in die Datenbank aufgenommenen Sequenzen abschließend bei 4% mismatch assembliert. Die Consensussequenzen wurden gebildet und mit den Singletons und Fails als Ausgangsbasis für die Gewebsvergleiche verwendet. Durch diese Prozedur konnte sichergestellt werden, daß unter den verwendeten Parametern sämtliche Sequenzen von einander unabhängige Genbereiche darstellten.

25

30 Fig. 2b1-2b4 veranschaulicht die Verlängerung der Blasengewebs ESTs.

Die so assemblierten Sequenzen der jeweiligen Gewebe wurden anschließend mittels des gleichen Programms miteinander verglichen (Fig. 3). Hierzu wurden erst alle Sequenzen des ersten Gewebes in die Datenbank eingegeben. (Daher war es wichtig, daß diese voneinander unabhängig waren.)

35

Dann wurden alle Sequenzen des zweiten Gewebes mit allen des ersten verglichen. Das Ergebnis waren Sequenzen, die für das erste bzw. das zweite Gewebe spezifisch waren, sowie welche, die in beiden vorkamen. Bei Letzteren wurde das Verhältnis der Häufigkeit des Vorkommens in den jeweiligen Geweben ausgewertet. Sämtliche, die Auswertung der assemblierten Sequenzen betreffenden Programme, wurden selbst entwickelt.

40

Alle Sequenzen, die mehr als viermal in jeweils einem der verglichenen Gewebe vorkamen, sowie alle, die mindestens fünfmal so häufig in einem der beiden Gewebe vorkamen wurden weiter untersucht. Diese Sequenzen wurden einem elektronischen Northern (s. Beispiel 2.1) unterzogen, wodurch die Verteilung in sämtlichen Tumor- und Normal-Geweben untersucht wurde (s. Fig. 4a und Fig. 4b). Die relevanten Kandidaten wurden dann mit Hilfe sämtlicher Incyte ESTs und allen ESTs öffentlicher Datenbanken verlängert (s. Beispiel 3). Anschließend wurden die Sequenzen und ihre Übersetzung in mögliche Proteine mit allen Nukleotid- und Proteindatenbanken verglichen, sowie auf mögliche, für Proteine kodierende Regionen untersucht.

50

Beispiel 2

Algorithmus zur Identifikation und Verlängerung von partiellen cDNA-Sequenzen mit verändertem Expressionsmuster

Im folgenden soll ein Algorithmus zur Auffindung über- oder unterexprimierter Gene erläutert werden. Die einzelnen Schritte sind der besseren Übersicht halber auch in einem Flußdiagramm zusammengefaßt (s. Fig. 4b).

2.1 Elektronischer Northern-Blot

Zu einer partiellen DNA-Sequenz S, z. B. einem einzelnen EST oder einem Contig von ESTs, werden mittels eines Standardprogramms zur Homologiesuche, z. B. BLAST (Altschul, S. F., Gish W., Miller, W., Myers, E. W. und Lipman, D. J. (1990) *J. Mol. Biol.*, **215**, 403-410), BLAST2 (Altschul, S. F., Madden, T. L., Schäffer, A. A., Zhang, J., Zhang, Z., Miller, W. und Lipman, D. J. (1997) *Nucleic Acids Research* **25** 3389-3402) oder FASTA (Pearson, W. R. und Lipman, D. J. (1988) *Proc. Natl. Acad. Sci. USA* **85** 2444-2448), die homologen Sequenzen in verschiedenen nach Geweben geordneten (privaten oder öffentlichen) EST-Bibliotheken bestimmt. Die dadurch ermittelten (relativen oder absoluten) Gewebe-spezifischen Vorkommenshäufigkeiten dieser Partial-Sequenz S werden als elektronischer Northern-Blot bezeichnet.

2.1.1

Analog der unter 2.1 beschriebenen Verfahrensweise wurde die Sequenz Seq. ID No. 1 gefunden, die 12,2 .x stärker im normalen Blasengewebe als im Tumorgewebe vorkommt.

Das Ergebnis ist wie folgt:

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 1

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
	Blase	0.0312	0.0026	12.203	0.0819
	Brust	0.0064	0.0056	1.1342	0.8817
	Duennndarm	0.0092	0.0000	undef	0.0000
	Eierstock	0.0060	0.0156	0.3838	2.6058
	Endokrines Gewebe	0.0068	0.0201	0.3396	2.9444
	Gastrointestinal	0.0096	0.0000	undef	0.0000
	Gehirn	0.0111	0.0226	0.4909	2.0372
	Haematopoetisch	0.0107	0.0379	0.2823	3.5422
	Haut	0.0147	0.0000	undef	0.0000
	Hepatisch	0.0095	0.0000	undef	0.0000
	Herz	0.0053	0.0000	undef	0.0000
	Hoden	0.0173	0.0234	0.7380	1.3551
	Lunge	0.0083	0.0184	0.4516	2.2144
	Magen-Speiserohre	0.0000	0.0230	0.0000	undef
	Muskel-Skelett	0.0120	0.0120	0.9994	1.0006
	Niere	0.0081	0.0274	0.2974	3.3626
	Pankreas	0.0083	0.0110	0.7479	1.3371

	Penis	0.0120	0.0000	undef	0.0000
	Prostata	0.0044	0.0106	0.4095	2.4423
	Uterus_Endometrium	0.0000	0.0000	undef	undef
	Uterus_Myometrium	0.0152	0.0204	0.7482	1.3366
5	Uterus_allgemein	0.0051	0.0000	undef	0.0000
	Brust-Hyperplasie	0.0096			
	Prostata-Hyperplasie	0.0000			
	Samenblase	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
10	Weisse_Blutkoerperchen	0.0139			
	Zervix	0.0000			
	FOETUS				
15	%Haeufigkeit				
	Entwicklung	0.0000			
	Gastrointestinal	0.0083			
	Gehirn	0.0063			
	Haematopoetisch	0.0157			
20	Haut	0.0000			
	Hepatisch	0.0000			
	Herz-Blutgefuesse	0.0107			
	Lunge	0.0253			
	Nebenniere	0.0507			
25	Niere	0.0000			
	Placenta	0.0182			
	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0377			
30	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN				
	%Haeufigkeit				
	Brust	0.0000			
	Eierstock_n	0.0000			
35	Eierstock_t	0.0051			
	Endokrines_Gewebe	0.0000			
	Foetal	0.0035			
	Gastrointestinal	0.0122			
	Haematopoetisch	0.0171			
40	Haut-Muskel	0.0065			
	Hoden	0.0077			
	Lunge	0.0082			
	Nerven	0.0090			
	Prostata	0.0068			
45	Sinnesorgane	0.0000			
	Uterus_n	0.0042			

In analoger Verfahrensweise wurden auch folgende Northern gefunden:

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO. 2

5		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
	Blase	0.0741	0.0102	7.2459	0.1380
	Brust	0.0102	0.0038	2.7221	0.3674
	Duenn darm	0.0061	0.0000	undef	0.0000
10	Eierstock	0.0000	0.0000	undef	undef
	Endokrines_Gewebe	0.0017	0.0000	undef	0.0000
	Gastrointestinal	0.0038	0.0046	0.8283	1.2072
	Gehirn	0.0007	0.0021	0.3600	2.7779
	Haematopoetisch	0.0000	0.0000	undef	undef
15	Haut	0.0184	0.0000	undef	0.0000
	Hepatisch	0.0000	0.0000	undef	undef
	Herz	0.0032	0.0000	undef	0.0000
	Hoden	0.0058	0.0000	undef	0.0000
	Lunge	0.0052	0.0061	0.8467	1.1810
20	Magen-Speiseroehre	0.0000	0.0000	undef	undef
	Muskel-Skelett	0.0034	0.0060	0.5711	1.7510
	Niere	0.0027	0.0068	0.3965	2.5219
	Pankreas	0.0017	0.0055	0.2991	3.3428
	Penis	0.0120	0.0267	0.4493	2.2259
25	Prostata	0.0109	0.0064	1.7060	0.5862
	Uterus_Endometrium	0.0000	0.0000	undef	undef
	Uterus_Myometrium	0.0000	0.0000	undef	undef
	Uterus_allgemein	0.0051	0.0000	undef	0.0000
	Brust-Hyperplasie	0.0064			
30	Prostata-Hyperplasie	0.0030			
	Samenblase	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0052			
	Zervix	0.0000			
35					
		FOETUS			
		%Haeufigkeit			
	Entwicklung	0.0278			
40	Gastrointestinal	0.0028			
	Gehirn	0.0000			
	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut	0.0000			
	Hepatisch	0.0000			
45	Herz-Blutgefuesse	0.0000			
	Lunge	0.0036			
	Nebenniere	0.0000			
	Niere	0.0000			
	Placenta	0.0061			
50	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN			
		%Haeufigkeit			
55	Brust	0.0068			
	Eierstock_n	0.0000			
	Eierstock_t	0.0000			
	Endokrines_Gewebe	0.0000			
60	Foetal	0.0012			
	Gastrointestinal	0.0000			
	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut-Muskel	0.0032			
	Hoden	0.0000			
65	Lunge	0.0000			
	Nerven	0.0010			
	Prostata	0.0068			
	Sinnesorgane	0.0000			
	Uterus_n	0.0042			

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO:3

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0585	0.0153	3.8136	0.2622
	Brust	0.0064	0.0000	undef	0.0000
	Duennndarm	0.0184	0.0000	undef	0.0000
	Eierstock	0.0000	0.0026	0.0000	undef
	Endokrines_Gewebe	0.0204	0.0100	2.0377	0.4907
10	Gastrointestinal	0.0077	0.0046	1.6567	0.6036
	Gehirn	0.0059	0.0092	0.6400	1.5626
	Haematopoetisch	0.0000	0.0000	undef	undef
	Haut	0.0073	0.0000	undef	0.0000
	Hepatisch	0.0000	0.0065	0.0000	undef
15	Herz	0.0085	0.0000	undef	0.0000
	Hoden	0.0173	0.0000	undef	0.0000
	Lunge	0.0104	0.0020	5.0803	0.1968
	Magen-Speiseroehre	0.0000	0.0000	undef	undef
	Muskel-Skelett	0.0017	0.0000	undef	0.0000
20	Niere	0.0217	0.0068	3.1722	0.3152
	Pankreas	0.0000	0.0000	undef	undef
	Penis	0.0060	0.0000	undef	0.0000
	Prostata	0.0654	0.0362	1.8064	0.5536
	Uterus_Endometrium	0.0135	0.0000	undef	0.0000
25	Uterus_Myometrium	0.0076	0.0204	0.3741	2.6732
	Uterus_allgemein	0.0000	0.1908	0.0000	undef
	Brust-Hyperplasie	0.0032			
	Prostata-Hyperplasie	0.0803			
	Samenblase	0.0178			
30	Sinnesorgane	0.0000			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0000			
	Zervix	0.0106			
35		FOETUS			
		%Haeufigkeit			
	Entwicklung	0.0139			
	Gastrointestinal	0.0083			
	Gehirn	0.0000			
40	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut	0.0000			
	Hepatisch	0.0000			
	Herz-Blutgefuesse	0.0036			
	Lunge	0.0000			
45	Nebenniere	0.0000			
	Niere	0.0124			
	Placenta	0.0000			
	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
50					
		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN			
		%Haeufigkeit			
	Brust	0.0000			
55	Eierstock_n	0.0000			
	Eierstock_t	0.0000			
	Endokrines_Gewebe	0.0000			
	Foetal	0.0128			
	Gastrointestinal	0.0000			
60	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut-Muskel	0.0162			
	Hoden	0.0000			
	Lunge	0.0164			
	Nerven	0.0050			
65	Prostata	0.0205			
	Sinnesorgane	0.0000			
	Uterus_n	0.0333			

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 4

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0351	0.0000	undef	0.0000
	Brust	0.0000	0.0000	undef	undef
	Duennndarm	0.0000	0.0000	undef	undef
	Eierstock	0.0000	0.0000	undef	undef
	Endokrines_Gewebe	0.0000	0.0000	undef	undef
10	Gastrointestinal	0.0000	0.0000	undef	undef
	Gehirn	0.0000	0.0010	0.0000	undef
	Haematopoetisch	0.0000	0.0000	undef	undef
	Haut	0.0037	0.0000	undef	0.0000
	Hepatisch	0.0000	0.0000	undef	undef
15	Herz	0.0000	0.0000	undef	undef
	Hoden	0.0000	0.0000	undef	undef
	Lunge	0.0000	0.0000	undef	undef
	Magen-Speiserohre	0.0000	0.0000	undef	undef
	Muskel-Skelett	0.0000	0.0000	undef	undef
20	Niere	0.0000	0.0000	undef	undef
	Pankreas	0.0000	0.0000	undef	undef
	Penis	0.0000	0.0000	undef	undef
	Prostata	0.0000	0.0000	undef	undef
	Uterus_Endometrium	0.0000	0.0000	undef	undef
25	Uterus_Myometrium	0.0000	0.0000	undef	undef
	Uterus_aligemein	0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust-Hyperplasie	0.0000			
	Prostata-Hyperplasie	0.0000			
	Samenblase	0.0000			
30	Sinnesorgane	0.0000			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0000			
	Zervix	0.0000			
35		FOETUS			
		%Haeufigkeit			
	Entwicklung	0.0000			
	Gastrointestinal	0.0000			
	Gehirn	0.0000			
40	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut	0.0000			
	Hepatisch	0.0000			
	Herz-Blutgefuesse	0.0000			
	Lunge	0.0000			
45	Nebenniere	0.0000			
	Niere	0.0000			
	Placenta	0.0000			
	Prostata	0.0000			
50	Sinnesorgane	0.0000			
		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN			
		%Haeufigkeit			
	Brust	0.0000			
55	Eierstock_n	0.0000			
	Eierstock_t	0.0000			
	Endokrines_Gewebe	0.0000			
	Foetal	0.0000			
	Gastrointestinal	0.0000			
60	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut-Muskel	0.0000			
	Hoden	0.0000			
	Lunge	0.0000			
	Nerven	0.0000			
65	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
	Uterus_n	0.0000			

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO:6

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0390	0.0026	15.2544	0.0656
	Brust	0.0460	0.0056	8.1663	0.1225
	Duenndarm	0.0123	0.0331	0.3707	2.6973
	Eierstock	0.0000	0.0052	0.0000	undef
	Endokrines_Gewebe	0.0119	0.0050	2.3774	0.4206
10	Gastrointestinal	0.0038	0.0000	undef	0.0000
	Gehirn	0.0052	0.0072	0.7200	1.3890
	Haematopoetisch	0.0013	0.0000	undef	0.0000
	Haut	0.0294	0.0000	undef	0.0000
	Hepatisch	0.0143	0.0065	2.2059	0.4533
15	Herz	0.0074	0.0000	undef	0.0000
	Hoden	0.0058	0.0117	0.4920	2.0326
	Lunge	0.0021	0.0000	undef	0.0000
	Magen-Speiserohre	0.0000	0.0000	undef	undef
	Muskel-Skelett	0.0103	0.0240	0.4283	2.3347
20	Niere	0.0516	0.0000	undef	0.0000
	Pankreas	0.0000	0.0000	undef	undef
	Penis	0.0090	0.0000	undef	0.0000
	Prostata	0.0044	0.0064	0.6824	1.4654
	Uterus_Endometrium	0.0270	0.0000	undef	0.0000
25	Uterus_Myometrium	0.0381	0.0000	undef	0.0000
	Uterus_allgemein	0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust-Hyperplasie	0.1087			
	Prostata-Hyperplasie	0.0059			
	Samenblase	0.0089			
30	Sinnesorgane	0.0000			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0000			
	Zervix	0.0319			
35		FOETUS			
		%Haeufigkeit			
	Entwicklung	0.0557			
	Gastrointestinal	0.0028			
	Gehirn	0.0000			
40	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut	0.0000			
	Hepatisch	0.0000			
	Herz-Blutgefuesse	0.0498			
	Lunge	0.0036			
45	Nebenniere	0.0000			
	Niere	0.0000			
	Placenta	0.0000			
	Prostata	0.0000			
50	Sinnesorgane	0.0251			
55		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN			
		%Haeufigkeit			
	Brust	0.0272			
	Eierstock_n	0.0000			
	Eierstock_t	0.0101			
	Endokrines_Gewebe	0.0000			
	Foetal	0.0116			
	Gastrointestinal	0.0000			
60	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut-Muskel	0.0194			
	Hoden	0.0000			
	Lunge	0.0000			
	Nerven	0.0151			
65	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
	Uterus_n	0.0208			

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 7

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0351	0.0026	13.7290	0.0728
	Brust	0.0051	0.0038	1.3611	0.7347
	Duenndarm	0.0000	0.0000	undef	undef
	Eierstock	0.0060	0.0000	undef	0.0000
	Endokrines_Gewebe	0.0034	0.0000	undef	0.0000
10	Gastrointestinal	0.0057	0.0046	1.2425	0.8048
	Gehirn	0.0044	0.0000	undef	0.0000
	Haematopoetisch	0.0053	0.0000	undef	0.0000
	Haut	0.0000	0.0000	undef	undef
	Hepatisch	0.0048	0.0000	undef	0.0000
15	Herz	0.0021	0.0137	0.1542	6.4853
	Hoden	0.0000	0.0117	0.0000	undef
	Lunge	0.0021	0.0020	1.0161	0.9842
	Magen-Speiserohre	0.0000	0.0000	undef	undef
	Muskel-Skelett	0.0017	0.0000	undef	0.0000
20	Niere	0.0000	0.0000	undef	undef
	Pankreas	0.0000	0.0055	0.0000	undef
	Penis	0.0030	0.0000	undef	0.0000
	Prostata	0.0044	0.0021	2.0473	0.4885
	Uterus_Endometrium	0.0068	0.0000	undef	0.0000
25	Uterus_Myometrium	0.0000	0.0000	undef	undef
	Uterus_allgemein	0.0051	0.0000	undef	0.0000
	Brust-Hyperplasie	0.0032			
	Prostata-Hyperplasie	0.0000			
	Samenblase	0.0000			
30	Sinnesorgane	0.0000			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0035			
	Zervix	0.0000			
35		FOETUS			
		%Haeufigkeit			
	Entwicklung	0.0000			
	Gastrointestinal	0.0000			
	Gehirn	0.0063			
40	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut	0.0000			
	Hepatisch	0.0000			
	Herz-Blutgefuesse	0.0000			
	Lunge	0.0000			
45	Nebenniere	0.0000			
	Niere	0.0062			
	Placenta	0.0061			
	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
50					
		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN			
		%Haeufigkeit			
	Brust	0.0000			
55	Eierstock_n	0.0000			
	Eierstock_t	0.0000			
	Endokrines_Gewebe	0.0000			
	Foetal	0.0047			
	Gastrointestinal	0.0000			
60	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut-Muskel	0.0065			
	Hoden	0.0000			
	Lunge	0.0000			
	Nerven	0.0040			
65	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
	Uterus_n	0.0042			

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO:8

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0234	0.0000	undef	0.0000
	Brust	0.0013	0.0019	0.6805	1.4694
	Duennndarm	0.0061	0.0000	undef	0.0000
	Eierstock	0.0000	0.0026	0.0000	undef
	Endokrines_Gewebe	0.0034	0.0000	undef	0.0000
10	Gastrointestinal	0.0000	0.0000	undef	undef
	Gehirn	0.0022	0.0051	0.4320	2.3149
	Haematopoetisch	0.0000	0.0000	undef	undef
	Haut	0.0000	0.0000	undef	undef
	Hepatisch	0.0048	0.0000	undef	0.0000
15	Herz	0.0042	0.0000	undef	0.0000
	Hoden	0.0000	0.0000	undef	undef
	Lunge	0.0000	0.0041	0.0000	undef
	Magen-Speiserohre	0.0000	0.0000	undef	undef
	Muskel-Skelett	0.0051	0.0000	undef	0.0000
20	Niere	0.0000	0.0000	undef	undef
	Pankreas	0.0017	0.0055	0.2991	3.3428
	Penis	0.0000	0.0000	undef	undef
	Prostata	0.0065	0.0043	1.5354	0.6513
	Uterus_Endometrium	0.0000	0.0000	undef	undef
25	Uterus_Myometrium	0.0000	0.0000	undef	undef
	Uterus_allgemein	0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust-Hyperplasie	0.0032			
	Prostata-Hyperplasie	0.0059			
	Samenblase	0.0000			
30	Sinnesorgane	0.0000			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0026			
	Zervix	0.0000			
35		FOETUS			
		%Haeufigkeit			
	Entwicklung	0.0139			
	Gastrointestinal	0.0028			
	Gehirn	0.0000			
40	Haematopoetisch	0.0039			
	Haut	0.0000			
	Hepatisch	0.0000			
	Herz-Blutgefuesse	0.0000			
	Lunge	0.0000			
45	Nebenniere	0.0000			
	Niere	0.0000			
	Placenta	0.0000			
	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
50		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN			
		%Haeufigkeit			
	Brust	0.0068			
55	Eierstock_n	0.0000			
	Eierstock_t	0.0000			
	Endokrines_Gewebe	0.0000			
	Foetal	0.0012			
	Gastrointestinal	0.0000			
60	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut-Muskel	0.0032			
	Hoden	0.0000			
	Lunge	0.0082			
	Nerven	0.0040			
65	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
	Uterus_n	0.0083			

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO:9

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0273	0.0026	10.6781	0.0936
	Brust	0.0026	0.0019	1.3611	0.7347
	Duenn darm	0.0061	0.0000	undef	0.0000
	Eierstock	0.0060	0.0052	1.1513	0.8686
	Endokrines Gewebe	0.0051	0.0000	undef	0.0000
10	Gastrointestinal	0.0038	0.0046	0.8283	1.2072
	Gehirn	0.0037	0.0051	0.7200	1.3890
	Haematopoetisch	0.0000	0.0379	0.0000	undef
	Haut	0.0000	0.0000	undef	undef
	Hepatisch	0.0000	0.0065	0.0000	undef
15	Herz	0.0000	0.0000	undef	undef
	Hoden	0.0000	0.0117	0.0000	undef
	Lunge	0.0042	0.0020	2.0321	0.4921
	Magen-Speiserohr	0.0000	0.0000	undef	undef
	Muskel-Skelett	0.0051	0.0060	0.8567	1.1673
20	Niere	0.0027	0.0000	undef	0.0000
	Pankreas	0.0017	0.0000	undef	0.0000
	Penis	0.0000	0.0267	0.0000	undef
	Prostata	0.0000	0.0085	0.0000	undef
	Uterus_Endometrium	0.0000	0.0000	undef	undef
25	Uterus_Myometrium	0.0000	0.0000	undef	undef
	Uterus_allgemein	0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust-Hyperplasie	0.0000			
	Prostata-Hyperplasie	0.0030			
	Samenblase	0.0000			
30	Sinnesorgane	0.0000			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0052			
	Zervix	0.0000			
35		FOETUS			
		%Haeufigkeit			
	Entwicklung	0.0000			
	Gastrointestinal	0.0000			
	Gehirn	0.0000			
40	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut	0.0000			
	Hepatisch	0.0000			
	Herz-Blutgefuesse	0.0036			
	Lunge	0.0000			
45	Nebenniere	0.0000			
	Niere	0.0000			
	Placenta	0.0061			
	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
50					
		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN			
		%Haeufigkeit			
	Brust	0.0000			
55	Eierstock_n	0.0000			
	Eierstock_t	0.0101			
	Endokrines Gewebe	0.0490			
	Foetal	0.0017			
	Gastrointestinal	0.0000			
60	Haematopoetisch	0.0114			
	Haut-Muskel	0.0194			
	Hoden	0.0000			
	Lunge	0.0000			
	Nerven	0.0040			
65	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
	Uterus_n	0.0000			

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 12

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0858	0.0358	2.3971	0.4172
	Brust	0.0435	0.0338	1.2854	0.7779
	Duennndarm	0.0276	0.0165	1.6683	0.5994
	Eierstock	0.0120	0.0182	0.6579	1.5201
	Endokrines_Gewebe	0.0290	0.0176	1.6496	0.6062
10	Gastrointestinal	0.0594	0.0231	2.5679	0.3894
	Gehirn	0.0333	0.0657	0.5062	1.9754
	Haematopoetisch	0.0134	0.0000	undef	0.0000
	Haut	0.0514	0.0000	undef	0.0000
	Hepatisch	0.0381	0.0129	2.9412	0.3400
15	Herz	0.0413	0.0275	1.5034	0.6652
	Hoden	0.0058	0.0000	undef	0.0000
	Lunge	0.0384	0.0164	2.3497	0.4256
	Magen-Speiserohre	0.0290	0.0307	0.9454	1.0578
	Muskel-Skelett	0.0188	0.0360	0.5235	1.9102
20	Niere	0.0217	0.0548	0.3965	2.5219
	Pankreas	0.0132	0.0166	0.7977	1.2536
	Penis	0.0779	0.0000	undef	0.0000
	Prostata	0.0632	0.0447	1.4136	0.7074
	Uterus_Endometrium	0.0135	0.0000	undef	0.0000
25	Uterus_Myometrium	0.0229	0.0068	3.3668	0.2970
	Uterus_allgemein	0.0306	0.0000	undef	0.0000
	Brust-Hyperplasie	0.0416			
	Prostata-Hyperplasie	0.0595			
	Samenblase	0.0712			
30	Sinnesorgane	0.0118			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0087			
	Zervix	0.0426			
35		FOETUS			
		%Haeufigkeit			
	Entwicklung	0.0000			
	Gastrointestinal	0.0250			
	Gehirn	0.0063			
40	Haematopoetisch	0.0118			
	Haut	0.0000			
	Hepatisch	0.0000			
	Herz-Blutgefuesse	0.0036			
	Lunge	0.0108			
45	Nebenniere	0.1014			
	Niere	0.0185			
	Placenta	0.0242			
	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0628			
50					
		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN			
		%Haeufigkeit			
	Brust	0.1293			
55	Eierstock_n	0.1595			
	Eierstock_t	0.0101			
	Endokrines_Gewebe	0.0490			
	Foetal	0.0338			
	Gastrointestinal	0.0122			
60	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut-Muskel	0.0162			
	Hoden	0.0000			
	Lunge	0.0000			
	Nerven	0.0301			
65	Prostata	0.0410			
	Sinnesorgane	0.0000			
	Uterus_n	0.0624			

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 13

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0468	0.0077	6.1018	0.1639
	Brust	0.0294	0.0075	3.9130	0.2556
	Duennndarm	0.0184	0.0165	1.1122	0.8991
	Eierstock	0.0090	0.0000	undef	0.0000
	Endokrines_Gewebe	0.0085	0.0050	1.6981	0.5889
10	Gastrointestinal	0.0192	0.0000	undef	0.0000
	Gehirn	0.0059	0.0062	0.9599	1.0417
	Haematopoetisch	0.0013	0.0000	undef	0.0000
	Haut	0.0808	0.0000	undef	0.0000
	Hepatisch	0.0000	0.0065	0.0000	undef
15	Herz	0.0540	0.0000	undef	0.0000
	Hoden	0.0000	0.0000	undef	undef
	Lunge	0.0156	0.0082	1.9051	0.5249
	Magen-Speiserohre	0.0193	0.0077	2.5211	0.3967
	Muskel-Skelett	0.1216	0.0000	undef	0.0000
20	Niere	0.0000	0.0274	0.0000	undef
	Pankreas	0.0000	0.0055	0.0000	undef
	Penis	0.1587	0.0000	undef	0.0000
	Prostata	0.0087	0.0106	0.8189	1.2211
	Uterus_Endometrium	0.0338	0.0000	undef	0.0000
25	Uterus_Myometrium	0.0457	0.0272	1.6834	0.5940
	Uterus_allgemein	0.0357	0.0000	undef	0.0000
	Brust-Hyperplasie	0.0160			
	Prostata-Hyperplasie	0.0208			
	Samenblase	0.0000			
30	Sinnesorgane	0.0000			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0009			
	Zervix	0.0426			
35		FOETUS			
		%Haeufigkeit			
	Entwicklung	0.0000			
	Gastrointestinal	0.0167			
	Gehirn	0.0063			
40	Haematopoetisch	0.0039			
	Haut	0.0000			
	Hepatisch	0.0000			
	Herz-Blutgefuesse	0.0249			
	Lunge	0.0108			
45	Nebenniere	0.0254			
	Niere	0.0062			
	Placenta	0.0000			
	Prostata	0.0249			
	Sinnesorgane	0.0000			
50					
		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN			
		%Haeufigkeit			
	Brust	0.0000			
55	Eierstock_n	0.0000			
	Eierstock_t	0.0000			
	Endokrines_Gewebe	0.0000			
	Foetal	0.0029			
	Gastrointestinal	0.0244			
60	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut-Muskel	0.0032			
	Hoden	0.0309			
	Lunge	0.0082			
	Nerven	0.0090			
65	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0077			
	Uterus_n	0.0208			

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 14

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0351	0.0026	13.7290	0.0728
	Brust	0.0102	0.0075	1.3611	0.7347
	Duennndarm	0.0092	0.0000	undef	0.0000
	Eierstock	0.0090	0.0026	3.4538	0.2895
	Endokrines_Gewebe	0.0051	0.0025	2.0377	0.4907
10	Gastrointestinal	0.0115	0.0000	undef	0.0000
	Gehirn	0.0000	0.0000	undef	undef
	Haematopoetisch	0.0000	0.0000	undef	undef
	Haut	0.0073	0.0000	undef	0.0000
	Hepatisch	0.0048	0.0065	0.7353	1.3600
15	Herz	0.0233	0.0137	1.6961	0.5896
	Hoden	0.0000	0.0000	undef	undef
	Lunge	0.0135	0.0041	3.3022	0.3028
	Magen-Speiserohre	0.0193	0.0000	undef	0.0000
	Muskel-Skelett	0.0634	0.0000	undef	0.0000
20	Niere	0.0027	0.0068	0.3965	2.5219
	Pankreas	0.0017	0.0000	undef	0.0000
	Penis	0.0359	0.0000	undef	0.0000
	Prostata	0.0218	0.0043	5.1181	0.1954
	Uterus_Endometrium	0.0203	0.0000	undef	0.0000
25	Uterus_Myometrium	0.0229	0.0000	undef	0.0000
	Uterus_allgemein	0.0255	0.0000	undef	0.0000
	Brust-Hyperplasie	0.0000			
	Prostata-Hyperplasie	0.0089			
	Samenblase	0.0089			
30	Sinnesorgane	0.0000			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0000			
	Zervix	0.0000			
35		FOETUS			
		%Haeufigkeit			
	Entwicklung	0.0000			
	Gastrointestinal	0.0139			
	Gehirn	0.0000			
40	Haematopoetisch	0.0039			
	Haut	0.0000			
	Hepatisch	0.0000			
	Herz-Blutgefuesse	0.0071			
	Lunge	0.0000			
45	Nebenniere	0.0507			
	Niere	0.0062			
	Placenta	0.0000			
	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
50					
		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN			
		%Haeufigkeit			
	Brust	0.0136			
55	Eierstock_n	0.0000			
	Eierstock_t	0.0000			
	Endokrines_Gewebe	0.0000			
	Foetal	0.0029			
	Gastrointestinal	0.0244			
60	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut-Muskel	0.0000			
	Hoden	0.0000			
	Lunge	0.0000			
	Nerven	0.0181			
65	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
	Uterus_n	0.0583			

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 17

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0273	0.0026	10.6781	0.0936
	Brust	0.0307	0.0038	8.1663	0.1225
	Duenn darm	0.0061	0.0165	0.3707	2.6973
	Eierstock	0.0030	0.0000	undef	0.0000
	Endokrines_Gewebe	0.0000	0.0025	0.0000	undef
10	Gastrointestinal	0.0249	0.0000	undef	0.0000
	Gehirn	0.0015	0.0010	1.4399	0.6945
	Haematopoetisch	0.0040	0.0000	undef	0.0000
	Haut	0.0367	0.0000	undef	0.0000
	Hepatisch	0.0000	0.0065	0.0000	undef
15	Herz	0.0148	0.0000	undef	0.0000
	Hoden	0.0058	0.0000	undef	0.0000
	Lunge	0.0062	0.0020	3.0482	0.3281
	Magen-Speiserohre	0.0000	0.0000	undef	undef
	Muskel-Skelett	0.0274	0.0000	undef	0.0000
20	Niere	0.0000	0.0000	undef	undef
	Pankreas	0.0050	0.0000	undef	0.0000
	Penis	0.0120	0.0267	0.4493	2.2259
	Prostata	0.0087	0.0000	undef	0.0000
	Uterus_Endometrium	0.0135	0.0000	undef	0.0000
25	Uterus_Myometrium	0.0229	0.0000	undef	0.0000
	Uterus_allgemein	0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust-Hyperplasie	0.0288			
	Prostata-Hyperplasie	0.0030			
	Samenblase	0.0000			
30	Sinnesorgane	0.0118			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0000			
	Zervix	0.0106			
35	FOETUS				
	%Haeufigkeit				
	Entwicklung	0.0000			
	Gastrointestinal	0.0111			
	Gehirn	0.0000			
40	Haematopoetisch	0.0039			
	Haut	0.0000			
	Hepatisch	0.0000			
	Herz-Blutgefuesse	0.0036			
	Lunge	0.0000			
45	Nebenniere	0.0000			
	Niere	0.0062			
	Placenta	0.0000			
	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
50	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN				
	%Haeufigkeit				
	Brust	0.0204			
55	Eierstock_n	0.0000			
	Eierstock_t	0.0051			
	Endokrines_Gewebe	0.0000			
	Foetal	0.0047			
	Gastrointestinal	0.0000			
60	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut-Muskel	0.0000			
	Hoden	0.0000			
	Lunge	0.0000			
	Nerven	0.0000			
65	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
	Uterus_n	0.0083			

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO:18

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0585	0.0230	2.5424	0.3933
	Brust	0.0013	0.0000	undef	0.0000
	Duennndarm	0.0368	0.0165	2.2244	0.4496
	Eierstock	0.0000	0.0000	undef	undef
	Endokrines_Gewebe	0.0051	0.0025	2.0377	0.4907
10	Gastrointestinal	0.0115	0.0046	2.4850	0.4024
	Gehirn	0.0022	0.0031	0.7200	1.3890
	Haematopoetisch	0.0013	0.0000	undef	0.0000
	Haut	0.0110	0.0000	undef	0.0000
	Hepatisch	0.0000	0.0000	undef	undef
15	Herz	0.0095	0.0000	undef	0.0000
	Hoden	0.0000	0.0000	undef	undef
	Lunge	0.0000	0.0020	0.0000	undef
	Magen-Speiserohre	0.0000	0.0000	undef	undef
	Muskel-Skelett	0.0051	0.0000	undef	0.0000
20	Niere	0.0000	0.0000	undef	undef
	Pankreas	0.0017	0.0000	undef	0.0000
	Penis	0.0509	0.0000	undef	0.0000
	Prostata	0.0218	0.0149	1.4623	0.6838
	Uterus_Endometrium	0.0068	0.0000	undef	0.0000
25	Uterus_Myometrium	0.0229	0.0543	0.4208	2.3761
	Uterus_allgemein	0.0407	0.0000	undef	0.0000
	Brust-Hyperplasie	0.0032			
	Prostata-Hyperplasie	0.0059			
	Samenblase	0.0356			
30	Sinnesorgane	0.0000			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0000			
	Zervix	0.0106			
35		FOETUS			
		%Haeufigkeit			
	Entwicklung	0.0000			
	Gastrointestinal	0.0000			
	Gehirn	0.0000			
40	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut	0.0000			
	Hepatisch	0.0000			
	Herz-Blutgefuesse	0.0036			
	Lunge	0.0108			
45	Nebenniere	0.0000			
	Niere	0.0000			
	Placenta	0.0000			
	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
50					
		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN			
		%Haeufigkeit			
	Brust	0.0068			
55	Eierstock_n	0.0000			
	Eierstock_t	0.0000			
	Endokrines_Gewebe	0.0000			
	Foetal	0.0052			
	Gastrointestinal	0.0000			
60	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut-Muskel	0.0000			
	Hoden	0.0000			
	Lunge	0.0000			
	Nerven	0.0030			
65	Prostata	0.0137			
	Sinnesorgane	0.0000			
	Uterus_n	0.0083			

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 20

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0429	0.0153	2.7966	0.3576
	Brust	0.0141	0.0282	0.4991	2.0038
	Duenn darm	0.0307	0.0165	1.8537	0.5395
	Eierstock	0.0300	0.0390	0.7675	1.3029
	Endokrines_Gewebe	0.0409	0.0176	2.3288	0.4294
10	Gastrointestinal	0.0230	0.0139	1.6567	0.6036
	Gehirn	0.0200	0.0298	0.6703	1.4919
	Haematopoetisch	0.0160	0.0000	undef	0.0000
	Haut	0.0257	0.0000	undef	0.0000
	Hepatisch	0.0143	0.0259	0.5515	1.8133
15	Herz	0.0339	0.0000	undef	0.0000
	Hoden	0.0288	0.0234	1.2299	0.8130
	Lunge	0.0270	0.0409	0.6604	1.5141
	Magen-Speiseroehre	0.0483	0.0230	2.1009	0.4760
	Muskel-Skelett	0.0394	0.0240	1.6419	0.6090
20	Niere	0.0244	0.0205	1.1896	0.8406
	Pankreas	0.0198	0.0276	0.7180	1.3928
	Penis	0.0359	0.0533	0.6739	1.4839
	Prostata	0.0305	0.0255	1.1942	0.8374
	Uterus_Endometrium	0.0270	0.0000	undef	0.0000
25	Uterus_Myometrium	0.0534	0.0272	1.9640	0.5092
	Uterus_allgemein	0.0051	0.0954	0.0534	18.7357
	Brust-Hyperplasie	0.0384			
	Prostata-Hyperplasie	0.0595			
	Samenblase	0.0267			
30	Sinnesorgane	0.0118			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0286			
	Zervix	0.0426			
35		FOETUS			
		%Haeufigkeit			
	Entwicklung	0.0000			
	Gastrointestinal	0.0222			
	Gehirn	0.0063			
40	Haematopoetisch	0.0079			
	Haut	0.0000			
	Hepatisch	0.0000			
	Herz-Blutgefuesse	0.0285			
	Lunge	0.0470			
45	Nebenniere	0.0000			
	Niere	0.0247			
	Placenta	0.0121			
	Prostata	0.0249			
	Sinnesorgane	0.0377			
50					
		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN			
		%Haeufigkeit			
	Brust	0.0000			
55	Eierstock_n	0.0000			
	Eierstock_t	0.0051			
	Endokrines_Gewebe	0.0000			
	Foetal	0.0006			
	Gastrointestinal	0.0244			
60	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut-Muskel	0.0065			
	Hoden	0.0000			
	Lunge	0.0082			
	Nerven	0.0080			
65	Prostata	0.0205			
	Sinnesorgane	0.0000			
	Uterus_n	0.0250			

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 21

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0195	0.0000	undef	0.0000
	Brust	0.0026	0.0019	1.3611	0.7347
	Duennndarm	0.0061	0.0000	undef	0.0000
	Eierstock	0.0000	0.0052	0.0000	undef
	Endokrines_Gewebe	0.0034	0.0150	0.2264	4.4166
10	Gastrointestinal	0.0000	0.0139	0.0000	undef
	Gehirn	0.0177	0.0031	5.7597	0.1736
	Haematopoetisch	0.0000	0.0000	undef	undef
	Haut	0.0073	0.0000	undef	0.0000
	Hepatisch	0.0048	0.0000	undef	0.0000
15	Herz	0.0064	0.0000	undef	0.0000
	Hoden	0.0000	0.0117	0.0000	undef
	Lunge	0.0031	0.0123	0.2540	3.9367
	Magen-Speiserohre	0.0000	0.0000	undef	undef
	Muskel-Skelett	0.0017	0.0000	undef	0.0000
20	Niere	0.0027	0.0068	0.3965	2.5219
	Pankreas	0.0000	0.0000	undef	undef
	Penis	0.0120	0.0000	undef	0.0000
	Prostata	0.0000	0.0021	0.0000	undef
	Uterus_Endometrium	0.0135	0.0000	undef	0.0000
25	Uterus_Myometrium	0.0076	0.0068	1.1223	0.8911
	Uterus_allgemein	0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust-Hyperplasie	0.0032			
	Prostata-Hyperplasie	0.0000			
	Samenblase	0.0000			
30	Sinnesorgane	0.0000			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0009			
	Zervix	0.0000			
35	FOETUS				
		%Haeufigkeit			
	Entwicklung	0.0000			
	Gastrointestinal	0.0000			
	Gehirn	0.0000			
40	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut	0.0000			
	Hepatisch	0.0000			
	Herz-Blutgefuesse	0.0142			
	Lunge	0.0036			
45	Nebenniere	0.0000			
	Niere	0.0000			
	Placenta	0.0061			
	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
50	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN				
		%Haeufigkeit			
	Brust	0.0000			
55	Eierstock_n	0.0000			
	Eierstock_t	0.0000			
	Endokrines_Gewebe	0.0000			
	Foetal	0.0012			
	Gastrointestinal	0.0000			
60	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut-Muskel	0.0065			
	Hoden	0.0000			
	Lunge	0.0000			
	Nerven	0.0070			
65	Prostata	0.0068			
	Sinnesorgane	0.0000			
	Uterus_n	0.0125			

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 22

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0156	0.0000	undef	0.0000
	Brust	0.0013	0.0019	0.6805	1.4694
	Duenn darm	0.0031	0.0000	undef	0.0000
	Eierstock	0.0000	0.0026	0.0000	undef
	Endokrines_Gewebe	0.0017	0.0000	undef	0.0000
10	Gastrointestinal	0.0019	0.0000	undef	0.0000
	Gehirn	0.0007	0.0021	0.3600	2.7779
	Haematopoetisch	0.0000	0.0000	undef	undef
	Haut	0.0000	0.0000	undef	undef
	Hepatisch	0.0000	0.0065	0.0000	undef
15	Herz	0.0011	0.0000	undef	0.0000
	Hoden	0.0000	0.0000	undef	undef
	Lunge	0.0000	0.0020	0.0000	undef
	Magen-Speiserohre	0.0000	0.0000	undef	undef
	Muskel-Skelett	0.0017	0.0000	undef	0.0000
20	Niere	0.0027	0.0000	undef	0.0000
	Pankreas	0.0000	0.0000	undef	undef
	Penis	0.0000	0.0000	undef	undef
	Prostata	0.0022	0.0000	undef	0.0000
	Uterus_Endometrium	0.0068	0.0000	undef	0.0000
25	Uterus_Myometrium	0.0152	0.0068	2.2445	0.4455
	Uterus_allgemein	0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust-Hyperplasie	0.0032			
	Prostata-Hyperplasie	0.0000			
	Samenblase	0.0000			
30	Sinnesorgane	0.0000			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0009			
	Zervix	0.0000			
35		FOETUS			
		%Haeufigkeit			
	Entwicklung	0.0000			
	Gastrointestinal	0.0028			
	Gehirn	0.0000			
40	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut	0.0000			
	Hepatisch	0.0000			
	Herz-Blutgefuesse	0.0000			
	Lunge	0.0000			
45	Nebenniere	0.0000			
	Niere	0.0000			
	Placenta	0.0000			
	Prostata	0.0000			
50	Sinnesorgane	0.0000			
		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN			
		%Haeufigkeit			
	Brust	0.0136			
55	Eierstock_n	0.0000			
	Eierstock_t	0.0000			
	Endokrines_Gewebe	0.0000			
	Foetal	0.0023			
	Gastrointestinal	0.0000			
60	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut-Muskel	0.0000			
	Hoden	0.0000			
	Lunge	0.0000			
	Nerven	0.0000			
65	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
	Uterus_n	0.0000			

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 23

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0390	0.0000	undef	0.0000
	Brust	0.0000	0.0019	0.0000	undef
	Duenndarm	0.0153	0.0000	undef	0.0000
	Eierstock	0.0030	0.0000	undef	0.0000
	Endokrines_Gewebe	0.0017	0.0000	undef	0.0000
10	Gastrointestinal	0.0115	0.0046	2.4850	0.4024
	Gehirn	0.0022	0.0000	undef	0.0000
	Haematopoetisch	0.0000	0.0000	undef	undef
	Haut	0.0037	0.0000	undef	0.0000
	Hepatisch	0.0048	0.0000	undef	0.0000
15	Herz	0.0021	0.0000	undef	0.0000
	Hoden	0.0115	0.0000	undef	0.0000
	Lunge	0.0000	0.0000	undef	undef
	Magen-Speiserohre	0.0000	0.0000	undef	undef
	Muskel-Skelett	0.0000	0.0000	undef	undef
20	Niere	0.0000	0.0000	undef	undef
	Pankreas	0.0000	0.0000	undef	undef
	Penis	0.0240	0.0000	undef	0.0000
	Prostata	0.0065	0.0064	1.0236	0.9769
	Uterus_Endometrium	0.0338	0.0000	undef	0.0000
25	Uterus_Myometrium	0.0229	0.0475	0.4810	2.0791
	Uterus_allgemein	0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust-Hyperplasie	0.0000			
	Prostata-Hyperplasie	0.0149			
	Samenblase	0.0267			
30	Sinnesorgane	0.0000			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0000			
	Zervix	0.0106			
35		FOETUS			
		%Haeufigkeit			
	Entwicklung	0.0000			
	Gastrointestinal	0.0000			
	Gehirn	0.0000			
40	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut	0.0000			
	Hepatisch	0.0000			
	Herz-Blutgefuesse	0.0000			
	Lunge	0.0000			
45	Nebenniere	0.0000			
	Niere	0.0000			
	Placenta	0.0000			
	Prostata	0.0249			
	Sinnesorgane	0.0000			
50					
		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN			
		%Haeufigkeit			
	Brust	0.0000			
55	Eierstock_n	0.0000			
	Eierstock_t	0.0000			
	Endokrines_Gewebe	0.0000			
	Foetal	0.0006			
	Gastrointestinal	0.0000			
60	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut-Muskel	0.0000			
	Hoden	0.0000			
	Lunge	0.0000			
	Nerven	0.0000			
65	Prostata	0.0068			
	Sinnesorgane	0.0000			
	Uterus_n	0.0000			

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 24

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0351	0.0051	6.8645	0.1457
	Brust	0.0026	0.0056	0.4537	2.2042
	Duenn darm	0.0092	0.0000	undef	0.0000
	Eierstock	0.0090	0.0130	0.6908	1.4477
	Endokrines_Gewebe	0.0068	0.0075	0.9057	1.1042
10	Gastrointestinal	0.0172	0.0139	1.2425	0.8048
	Gehirn	0.0044	0.0082	0.5400	1.8520
	Haematopoetisch	0.0040	0.0000	undef	0.0000
	Haut	0.0037	0.0000	undef	0.0000
	Hepatisch	0.0000	0.0065	0.0000	undef
15	Herz	0.0074	0.0000	undef	0.0000
	Hoden	0.0173	0.0117	1.4759	0.6775
	Lunge	0.0042	0.0143	0.2903	3.4446
	Magen-Speiserohre	0.0000	0.0000	undef	undef
	Muskel-Skelett	0.0086	0.0060	1.4278	0.7004
20	Niere	0.0000	0.0205	0.0000	undef
	Pankreas	0.0033	0.0110	0.2991	3.3428
	Penis	0.0180	0.0000	undef	0.0000
	Prostata	0.0087	0.0128	0.6824	1.4654
	Uterus_Endometrium	0.0000	0.0000	undef	undef
25	Uterus_Myometrium	0.0000	0.0000	undef	undef
	Uterus_allgemein	0.0102	0.0000	undef	0.0000
	Brust-Hyperplasie	0.0032			
	Prostata-Hyperplasie	0.0119			
	Samenblase	0.0000			
30	Sinnesorgane	0.0118			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0035			
	Zervix	0.0000			
35		FOETUS			
		%Haeufigkeit			
	Entwicklung	0.0000			
	Gastrointestinal	0.0139			
	Gehirn	0.0000			
40	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut	0.0000			
	Hepatisch	0.0000			
	Herz-Blutgefuesse	0.0071			
	Lunge	0.0036			
45	Nebenniere	0.0254			
	Niere	0.0062			
	Placenta	0.0000			
	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
50					
		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN			
		%Haeufigkeit			
	Brust	0.0000			
55	Eierstock_n	0.0000			
	Eierstock_t	0.0101			
	Endokrines_Gewebe	0.0000			
	Foetal	0.0181			
	Gastrointestinal	0.0000			
60	Haematopoetisch	0.0114			
	Haut-Muskel	0.0130			
	Hoden	0.0154			
	Lunge	0.0082			
	Nerven	0.0060			
65	Prostata	0.0068			
	Sinnesorgane	0.0000			
	Uterus_n	0.0416			

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 25

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0234	0.0000	undef	0.0000
	Brust	0.0000	0.0000	undef	undef
	Duennndarm	0.0000	0.0000	undef	undef
	Eierstock	0.0000	0.0000	undef	undef
	Endokrines_Gewebe	0.0000	0.0000	undef	undef
10	Gastrointestinal	0.0000	0.0000	undef	undef
	Gehirn	0.0000	0.0000	undef	undef
	Haematopoetisch	0.0000	0.0000	undef	undef
	Haut	0.0000	0.0000	undef	undef
	Hepatisch	0.0000	0.0000	undef	undef
15	Herz	0.0000	0.0000	undef	undef
	Hoden	0.0000	0.0000	undef	undef
	Lunge	0.0000	0.0000	undef	undef
	Magen-Speiserohre	0.0000	0.0000	undef	undef
	Muskel-Skelett	0.0000	0.0000	undef	undef
20	Niere	0.0000	0.0000	undef	undef
	Pankreas	0.0000	0.0000	undef	undef
	Penis	0.0000	0.0000	undef	undef
	Prostata	0.0000	0.0000	undef	undef
	Uterus_Endometrium	0.0000	0.0000	undef	undef
25	Uterus_Myometrium	0.0000	0.0000	undef	undef
	Uterus_allgemein	0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust-Hyperplasie	0.0000			
	Prostata-Hyperplasie	0.0000			
	Samenblase	0.0000			
30	Sinnesorgane	0.0000			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0000			
	Zervix	0.0000			
35		FOETUS			
		%Haeufigkeit			
	Entwicklung	0.0000			
	Gastrointestinal	0.0028			
	Gehirn	0.0000			
40	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut	0.0000			
	Hepatisch	0.0000			
	Herz-Blutgefuesse	0.0000			
	Lunge	0.0000			
45	Nebenniere	0.0000			
	Niere	0.0000			
	Placenta	0.0000			
	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
50					
		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN			
		%Haeufigkeit			
	Brust	0.0000			
55	Eierstock_n	0.0000			
	Eierstock_t	0.0000			
	Endokrines_Gewebe	0.0000			
	Foetal	0.0000			
	Gastrointestinal	0.0000			
60	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut-Muskel	0.0000			
	Hoden	0.0000			
	Lunge	0.0000			
	Nerven	0.0000			
65	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
	Uterus_n	0.0000			

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 26

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0429	0.0000	undef	0.0000
	Brust	0.0013	0.0000	undef	0.0000
	Duenndarm	0.0000	0.0000	undef	undef
	Eierstock	0.0030	0.0026	1.1513	0.8686
	Endokrines_Gewebe	0.0034	0.0000	undef	0.0000
10	Gastrointestinal	0.0000	0.0000	undef	undef
	Gehirn	0.0015	0.0000	undef	0.0000
	Haematopoetisch	0.0000	0.0000	undef	undef
	Haut	0.0000	0.0000	undef	undef
	Hepatisch	0.0000	0.0000	undef	undef
15	Herz	0.0011	0.0000	undef	0.0000
	Hoden	0.0000	0.0000	undef	undef
	Lunge	0.0000	0.0000	undef	undef
	Magen-Speiseroehre	0.0000	0.0077	0.0000	undef
	Muskel-Skelett	0.0017	0.0000	undef	0.0000
20	Niere	0.0054	0.0000	undef	0.0000
	Pankreas	0.0000	0.0000	undef	undef
	Penis	0.0090	0.0000	undef	0.0000
	Prostata	0.0000	0.0043	0.0000	undef
	Uterus_Endometrium	0.0000	0.0000	undef	undef
25	Uterus_Myometrium	0.0076	0.0000	undef	0.0000
	Uterus_allgemein	0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust-Hyperplasie	0.0000			
	Prostata-Hyperplasie	0.0000			
	Samenblase	0.0089			
30	Sinnesorgane	0.0235			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0026			
	Zervix	0.0000			
35	FOETUS				
	%Haeufigkeit				
	Entwicklung	0.0139			
	Gastrointestinal	0.0000			
	Gehirn	0.0000			
40	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut	0.0000			
	Hepatisch	0.0260			
	Herz-Blutgefuesse	0.0036			
	Lunge	0.0000			
45	Nebenniere	0.0000			
	Niere	0.0000			
	Placenta	0.0000			
	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
50	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN				
	%Haeufigkeit				
	Brust	0.0000			
	Eierstock_n	0.0000			
	Eierstock_t	0.0000			
55	Endokrines_Gewebe	0.0245			
	Foetal	0.0012			
	Gastrointestinal	0.0000			
	Haematopoetisch	0.0171			
	Haut-Muskel	0.0000			
60	Hoden	0.0000			
	Lunge	0.0000			
	Nerven	0.0000			
	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
65	Uterus_n	0.0042			

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 27

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0312	0.0000	undef	0.0000
	Brust	0.0090	0.0056	1.5879	0.6298
	Duennndarm	0.0031	0.0000	undef	0.0000
	Eierstock	0.0060	0.0052	1.1513	0.8686
	Endokrines_Gewebe	0.0034	0.0075	0.4528	2.2083
10	Gastrointestinal	0.0077	0.0000	undef	0.0000
	Gehirn	0.0030	0.0051	0.5760	1.7362
	Haematopoetisch	0.0000	0.0000	undef	undef
	Haut	0.0000	0.0000	undef	undef
	Hepatisch	0.0048	0.0000	undef	0.0000
15	Herz	0.0021	0.0000	undef	0.0000
	Hoden	0.0000	0.0000	undef	undef
	Lunge	0.0010	0.0020	0.5080	1.9684
	Magen-Speiserohre	0.0290	0.0000	undef	0.0000
	Muskel-Skelett	0.0017	0.0000	undef	0.0000
20	Niere	0.0054	0.0068	0.7930	1.2610
	Pankreas	0.0017	0.0000	undef	0.0000
	Penis	0.0090	0.0000	undef	0.0000
	Prostata	0.0065	0.0043	1.5354	0.6513
	Uterus_Endometrium	0.0000	0.0000	undef	undef
25	Uterus_Myometrium	0.0152	0.0000	undef	0.0000
	Uterus_allgemein	0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust-Hyperplasie	0.0000			
	Prostata-Hyperplasie	0.0059			
	Samenblase	0.0000			
30	Sinnesorgane	0.0000			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0009			
	Zervix	0.0000			
35	FOETUS				
		%Haeufigkeit			
	Entwicklung	0.0000			
	Gastrointestinal	0.0000			
	Gehirn	0.0125			
40	Haematopoetisch	0.0039			
	Haut	0.0000			
	Hepatisch	0.0260			
	Herz-Blutgefuesse	0.0071			
	Lunge	0.0000			
45	Nebenniere	0.0000			
	Niere	0.0000			
	Placenta	0.0000			
	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0126			
50	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN				
		%Haeufigkeit			
	Brust	0.0000			
	Eierstock_n	0.0000			
	Eierstock_t	0.0000			
55	Endokrines_Gewebe	0.0245			
	Foetal	0.0064			
	Gastrointestinal	0.0000			
	Haematopoetisch	0.0114			
	Haut-Muskel	0.0065			
60	Hoden	0.0154			
	Lunge	0.0000			
	Nerven	0.0050			
	Prostata	0.0205			
	Sinnesorgane	0.0000			
65	Uterus_n	0.0167			

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 29

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0312	0.0051	6.1018	0.1639
	Brust	0.0307	0.0019	16.3327	0.0612
	Duenndarm	0.0061	0.0000	undef	0.0000
	Eierstock	0.0120	0.0000	undef	0.0000
	Endokrines_Gewebe	0.0000	0.0075	0.0000	undef
10	Gastrointestinal	0.0057	0.0093	0.6213	1.6096
	Gehirn	0.0015	0.0062	0.2400	4.1669
	Haematopoetisch	0.0000	0.0000	undef	undef
	Haut	0.0147	0.0000	undef	0.0000
	Hepatisch	0.0095	0.0065	1.4706	0.6800
15	Herz	0.0138	0.0412	0.3341	2.9932
	Hoden	0.0403	0.0000	undef	0.0000
	Lunge	0.0114	0.0061	1.8628	0.5368
	Magen-Speiserohre	0.0193	0.0153	1.2605	0.7933
	Muskel-Skelett	0.0274	0.0300	0.9138	1.0944
20	Niere	0.0000	0.0000	undef	undef
	Pankreas	0.0050	0.0331	0.1496	6.6857
	Penis	0.0359	0.0000	undef	0.0000
	Prostata	0.0044	0.0021	2.0473	0.4885
	Uterus_Endometrium	0.0203	0.0000	undef	0.0000
25	Uterus_Myometrium	0.0686	0.0679	1.0100	0.9901
	Uterus_allgemein	0.0458	0.0000	undef	0.0000
	Brust-Hyperplasie	0.0128			
	Prostata-Hyperplasie	0.0119			
	Samenblase	0.0000			
30	Sinnesorgane	0.0118			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0000			
	Zervix	0.0213			
35	FOETUS				
	%Haeufigkeit				
	Entwicklung	0.0000			
	Gastrointestinal	0.0111			
	Gehirn	0.0000			
40	Haematopoetisch	0.0039			
	Haut	0.0000			
	Hepatisch	0.0000			
	Herz-Blutgefuesse	0.0036			
	Lunge	0.0036			
45	Nebenniere	0.0000			
	Niere	0.0124			
	Placenta	0.0061			
	Prostata	0.0249			
	Sinnesorgane	0.0000			
50	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN				
	%Haeufigkeit				
	Brust	0.0000			
	Eierstock_n	0.0000			
	Eierstock_t	0.0051			
55	Endokrines_Gewebe	0.0000			
	Foetal	0.0023			
	Gastrointestinal	0.0122			
	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut-Muskel	0.0097			
60	Hoden	0.0077			
	Lunge	0.0410			
	Nerven	0.0010			
	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
65	Uterus_n	0.0250			

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 30

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0273	0.0000	undef	0.0000
	Brust	0.0000	0.0000	undef	undef
	Duennndarm	0.0000	0.0000	undef	undef
	Eierstock	0.0030	0.0000	undef	0.0000
	Endokrines_Gewebe	0.0017	0.0000	undef	0.0000
10	Gastrointestinal	0.0000	0.0000	undef	undef
	Gehirn	0.0007	0.0000	undef	0.0000
	Haematopoetisch	0.0027	0.0000	undef	0.0000
	Haut	0.0037	0.0000	undef	0.0000
	Hepatisch	0.0000	0.0000	undef	undef
15	Herz	0.0000	0.0000	undef	undef
	Hoden	0.0000	0.0000	undef	undef
	Lunge	0.0021	0.0000	undef	0.0000
	Magen-Speiserohre	0.0000	0.0000	undef	undef
	Muskel-Skelett	0.0000	0.0000	undef	undef
20	Niere	0.0000	0.0000	undef	undef
	Pankreas	0.0000	0.0000	undef	undef
	Penis	0.0000	0.0000	undef	undef
	Prostata	0.0022	0.0021	1.0236	0.9769
	Uterus_Endometrium	0.0000	0.0000	undef	undef
25	Uterus_Myometrium	0.0000	0.0000	undef	undef
	Uterus_allgemein	0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust-Hyperplasie	0.0000			
	Prostata-Hyperplasie	0.0059			
	Samenblase	0.0000			
30	Sinnesorgane	0.0000			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0009			
	Zervix	0.0000			
35		FOETUS			
		%Haeufigkeit			
	Entwicklung	0.0000			
	Gastrointestinal	0.0056			
	Gehirn	0.0000			
40	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut	0.0000			
	Hepatisch	0.0000			
	Herz-Blutgefuesse	0.0000			
	Lunge	0.0000			
45	Nebenniere	0.0000			
	Niere	0.0000			
	Placenta	0.0000			
	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
50					
		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN			
		%Haeufigkeit			
	Brust	0.0000			
55	Eierstock_n	0.0000			
	Eierstock_t	0.0000			
	Endokrines_Gewebe	0.0000			
	Foetal	0.0041			
	Gastrointestinal	0.0122			
60	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut-Muskel	0.0000			
	Hoden	0.0000			
	Lunge	0.0000			
	Nerven	0.0010			
65	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
	Uterus_n	0.0125			

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 31

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0234	0.0000	undef	0.0000
	Brust	0.0038	0.0000	undef	0.0000
	Duenndarm	0.0031	0.0000	undef	0.0000
	Eierstock	0.0000	0.0026	0.0000	undef
	Endokrines_Gewebe	0.0000	0.0000	undef	undef
10	Gastrointestinal	0.0000	0.0000	undef	undef
	Gehirn	0.0000	0.0000	undef	undef
	Haematopoetisch	0.0000	0.0000	undef	undef
	Haut	0.0000	0.0000	undef	undef
	Hepatisch	0.0000	0.0000	undef	undef
15	Herz	0.0053	0.0000	undef	0.0000
	Hoden	0.0000	0.0000	undef	undef
	Lunge	0.0000	0.0000	undef	undef
	Magen-Speiserohre	0.0000	0.0000	undef	undef
	Muskel-Skelett	0.0069	0.0000	undef	0.0000
20	Niere	0.0000	0.0000	undef	undef
	Pankreas	0.0033	0.0055	0.5983	1.6714
	Penis	0.0060	0.0000	undef	0.0000
	Prostata	0.0000	0.0000	undef	undef
	Uterus_Endometrium	0.0000	0.0000	undef	undef
25	Uterus_Myometrium	0.0076	0.0068	1.1223	0.8911
	Uterus_allgemein	0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust-Hyperplasie	0.0000			
	Prostata-Hyperplasie	0.0000			
	Samenblase	0.0000			
30	Sinnesorgane	0.0000			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0000			
	Zervix	0.0000			
35		FOETUS			
		%Haeufigkeit			
	Entwicklung	0.0000			
	Gastrointestinal	0.0028			
	Gehirn	0.0000			
40	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut	0.0000			
	Hepatisch	0.0000			
	Herz-Blutgefuesse	0.0107			
	Lunge	0.0072			
45	Nebenniere	0.0254			
	Niere	0.0000			
	Placenta	0.0000			
	Prostata	0.0499			
	Sinnesorgane	0.0000			
50					
		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN			
		%Haeufigkeit			
	Brust	0.0000			
55	Eierstock_n	0.0000			
	Eierstock_t	0.0000			
	Endokrines_Gewebe	0.0000			
	Foetal	0.0012			
	Gastrointestinal	0.0000			
60	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut-Muskel	0.0000			
	Hoden	0.0000			
	Lunge	0.0000			
	Nerven	0.0000			
65	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
	Uterus_n	0.0000			

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 32

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0234	0.0026	9.1527	0.1093
	Brust	0.0000	0.0000	undef	undef
	Duennndarm	0.0000	0.0000	undef	undef
	Eierstock	0.0000	0.0026	0.0000	undef
	Endokrines_Gewebe	0.0000	0.0050	0.0000	undef
10	Gastrointestinal	0.0000	0.0000	undef	undef
	Gehirn	0.0007	0.0000	undef	0.0000
	Haematopoetisch	0.0000	0.0000	undef	undef
	Haut	0.0000	0.0000	undef	undef
	Hepatisch	0.0000	0.0000	undef	undef
15	Herz	0.0000	0.0000	undef	undef
	Hoden	0.0000	0.0000	undef	undef
	Lunge	0.0000	0.0000	undef	undef
	Magen-Speiserohre	0.0097	0.0000	undef	0.0000
	Muskel-Skelett	0.0000	0.0000	undef	undef
20	Niere	0.0027	0.0000	undef	0.0000
	Pankreas	0.0000	0.0000	undef	undef
	Penis	0.0000	0.0000	undef	undef
	Prostata	0.0000	0.0000	undef	undef
	Uterus_Endometrium	0.0000	0.0000	undef	undef
25	Uterus_Myometrium	0.0000	0.0000	undef	undef
	Uterus_allgemein	0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust-Hyperplasie	0.0000			
	Prostata-Hyperplasie	0.0000			
	Samenblase	0.0000			
30	Sinnesorgane	0.0000			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0017			
	Zervix	0.0000			
35		FOETUS			
		%Haeufigkeit			
	Entwicklung	0.0000			
	Gastrointestinal	0.0028			
	Gehirn	0.0000			
40	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut	0.0000			
	Hepatisch	0.0000			
	Herz-Blutgefuesse	0.0036			
	Lunge	0.0000			
45	Nebenniere	0.0000			
	Niere	0.0000			
	Placenta	0.0121			
	Prostata	0.0000			
50	Sinnesorgane	0.0000			
		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN			
		%Haeufigkeit			
	Brust	0.0000			
55	Eierstock_n	0.0000			
	Eierstock_t	0.0000			
	Endokrines_Gewebe	0.0000			
	Foetal	0.0052			
	Gastrointestinal	0.0000			
60	Haematopoetisch	0.0057			
	Haut-Muskel	0.0032			
	Hoden	0.0000			
	Lunge	0.0000			
	Nerven	0.0000			
65	Prostata	0.0068			
	Sinnesorgane	0.0077			
	Uterus_n	0.0000			

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 33

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0195	0.0000	undef	0.0000
	Brust	0.0013	0.0000	undef	0.0000
	Duenn darm	0.0031	0.0000	undef	0.0000
	Eierstock	0.0060	0.0104	0.5756	1.7372
	Endokrines_Gewebe	0.0085	0.0150	0.5660	1.7667
10	Gastrointestinal	0.0019	0.0139	0.1381	7.2434
	Gehirn	0.0037	0.0010	3.5998	0.2778
	Haematopoetisch	0.0040	0.0000	undef	0.0000
	Haut	0.0000	0.0000	undef	undef
	Hepatisch	0.0000	0.0000	undef	undef
15	Herz	0.0011	0.0000	undef	0.0000
	Hoden	0.0173	0.0117	1.4759	0.6775
	Lunge	0.0042	0.0061	0.6774	1.4763
	Magen-Speiserohre	0.0000	0.0000	undef	undef
	Muskel-Skelett	0.0000	0.0060	0.0000	undef
20	Niere	0.0109	0.0000	undef	0.0000
	Pankreas	0.0017	0.0000	undef	0.0000
	Penis	0.0120	0.0000	undef	0.0000
	Prostata	0.0000	0.0021	0.0000	undef
	Uterus_Endometrium	0.0000	0.0000	undef	undef
25	Uterus_Myometrium	0.0076	0.0000	undef	0.0000
	Uterus_allgemein	0.0051	0.0000	undef	0.0000
	Brust-Hyperplasie	0.0000			
	Prostata-Hyperplasie	0.0000			
	Samenblase	0.0000			
30	Sinnesorgane	0.0000			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0026			
	Zervix	0.0000			
35		FOETUS			
		%Haeufigkeit			
	Entwicklung	0.0000			
	Gastrointestinal	0.0000			
	Gehirn	0.0063			
40	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut	0.0000			
	Hepatisch	0.0000			
	Herz-Blutgefuesse	0.0036			
	Lunge	0.0000			
45	Nebenniere	0.0000			
	Niere	0.0000			
	Placenta	0.0000			
	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
50					
		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN			
		%Haeufigkeit			
	Brust	0.0000			
55	Eierstock_n	0.0000			
	Eierstock_t	0.0000			
	Endokrines_Gewebe	0.0000			
	Foetal	0.0023			
	Gastrointestinal	0.0000			
60	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut-Muskel	0.0130			
	Hoden	0.0000			
	Lunge	0.0082			
	Nerven	0.0070			
65	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
	Uterus_n	0.0042			

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 34

		NORMAL %Haeufigkeit	TUMOR %Haeufigkeit	Verhaeltnisse N/T T/N	
5	Blase	0.0156	0.0000	undef	0.0000
	Brust	0.0000	0.0000	undef	undef
	Duenn darm	0.0000	0.0000	undef	undef
	Eierstock	0.0030	0.0000	undef	0.0000
	Endokrines_Gewebe	0.0000	0.0000	undef	undef
10	Gastrointestinal	0.0000	0.0000	undef	undef
	Gehirn	0.0000	0.0000	undef	undef
	Haematopoetisch	0.0000	0.0000	undef	undef
	Haut	0.0000	0.0000	undef	undef
	Hepatisch	0.0000	0.0000	undef	undef
15	Herz	0.0000	0.0000	undef	undef
	Hoden	0.0000	0.0000	undef	undef
	Lunge	0.0000	0.0000	undef	undef
	Magen-Speiserohre	0.0000	0.0000	undef	undef
	Muskel-Skelett	0.0000	0.0000	undef	undef
20	Niere	0.0000	0.0000	undef	undef
	Pankreas	0.0000	0.0000	undef	undef
	Penis	0.0000	0.0000	undef	undef
	Prostata	0.0000	0.0000	undef	undef
	Uterus_Endometrium	0.0000	0.0000	undef	undef
25	Uterus_Myometrium	0.0000	0.0000	undef	undef
	Uterus_allgemein	0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust-Hyperplasie	0.0000			
	Prostata-Hyperplasie	0.0000			
	Samenblase	0.0000			
30	Sinnesorgane	0.0000			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0000			
	Zervix	0.0000			
35		FOETUS %Haeufigkeit			
	Entwicklung	0.0000			
	Gastrointestinal	0.0000			
	Gehirn	0.0000			
40	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut	0.0000			
	Hepatisch	0.0000			
	Herz-Blutgefuesse	0.0000			
	Lunge	0.0000			
45	Nebenniere	0.0000			
	Niere	0.0000			
	Placenta	0.0000			
	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
50					
		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN %Haeufigkeit			
	Brust	0.0000			
55	Eierstock_n	0.0000			
	Eierstock_t	0.0000			
	Endokrines_Gewebe	0.0000			
	Foetal	0.0000			
	Gastrointestinal	0.0000			
60	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut-Muskel	0.0000			
	Hoden	0.0000			
	Lunge	0.0000			
	Nerven	0.0000			
65	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
	Uterus_n	0.0042			

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO:35

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0156	0.0000	undef	0.0000
	Brust	0.0013	0.0000	undef	0.0000
	Duennndarm	0.0000	0.0000	undef	undef
	Eierstock	0.0000	0.0000	undef	undef
	Endokrines_Gewebe	0.0000	0.0025	0.0000	undef
10	Gastrointestinal	0.0019	0.0046	0.4142	2.4145
	Gehirn	0.0000	0.0000	undef	undef
	Haematopoetisch	0.0000	0.0000	undef	undef
	Haut	0.0000	0.0000	undef	undef
	Hepatisch	0.0000	0.0000	undef	undef
15	Herz	0.0011	0.0000	undef	0.0000
	Hoden	0.0000	0.0000	undef	undef
	Lunge	0.0000	0.0000	undef	undef
	Magen-Speiserohre	0.0000	0.0000	undef	undef
	Muskel-Skelett	0.0017	0.0060	0.2856	3.5020
20	Niere	0.0000	0.0000	undef	undef
	Pankreas	0.0000	0.0000	undef	undef
	Penis	0.0000	0.0000	undef	undef
	Prostata	0.0000	0.0000	undef	undef
	Uterus_Endometrium	0.0000	0.0000	undef	undef
25	Uterus_Myometrium	0.0000	0.0000	undef	undef
	Uterus_allgemein	0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust-Hyperplasie	0.0000			
	Prostata-Hyperplasie	0.0000			
	Samenblase	0.0000			
30	Sinnesorgane	0.0000			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0000			
	Zervix	0.0000			
35		FOETUS			
		%Haeufigkeit			
	Entwicklung	0.0000			
	Gastrointestinal	0.0000			
	Gehirn	0.0000			
40	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut	0.0000			
	Hepatisch	0.0000			
	Herz-Blutgefuesse	0.0000			
	Lunge	0.0000			
45	Nebenniere	0.0000			
	Niere	0.0000			
	Placenta	0.0000			
	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
50					
		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN			
		%Haeufigkeit			
	Brust	0.0000			
55	Eierstock_n	0.0000			
	Eierstock_t	0.0000			
	Endokrines_Gewebe	0.0000			
	Foetal	0.0035			
	Gastrointestinal	0.0000			
60	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut-Muskel	0.0032			
	Hoden	0.0000			
	Lunge	0.0000			
	Nerven	0.0020			
65	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0310			
	Uterus_n	0.0042			

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 36

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0195	0.0000	undef	0.0000
	Brust	0.0000	0.0000	undef	undef
	Duennndarm	0.0000	0.0000	undef	undef
	Eierstock	0.0000	0.0000	undef	undef
	Endokrines_Gewebe	0.0000	0.0000	undef	undef
10	Gastrointestinal	0.0000	0.0000	undef	undef
	Gehirn	0.0000	0.0000	undef	undef
	Haematopoetisch	0.0000	0.0000	undef	undef
	Haut	0.0000	0.0000	undef	undef
	Hepatisch	0.0000	0.0000	undef	undef
15	Herz	0.0000	0.0000	undef	undef
	Hoden	0.0000	0.0000	undef	undef
	Lunge	0.0000	0.0000	undef	undef
	Magen-Speiserohre	0.0000	0.0000	undef	undef
	Muskel-Skelett	0.0000	0.0000	undef	undef
20	Niere	0.0000	0.0000	undef	undef
	Pankreas	0.0000	0.0000	undef	undef
	Penis	0.0000	0.0000	undef	undef
	Prostata	0.0000	0.0000	undef	undef
	Uterus_Endometrium	0.0000	0.0000	undef	undef
25	Uterus_Myometrium	0.0000	0.0000	undef	undef
	Uterus_allgemein	0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust-Hyperplasie	0.0000			
	Prostata-Hyperplasie	0.0000			
	Samenblase	0.0000			
30	Sinnesorgane	0.0000			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0000			
	Zervix	0.0000			
35		FOETUS			
		%Haeufigkeit			
	Entwicklung	0.0000			
	Gastrointestinal	0.0000			
	Gehirn	0.0000			
40	Haematopoetisch	0.0039			
	Haut	0.0000			
	Hepatisch	0.0000			
	Herz-Blutgefuesse	0.0000			
	Lunge	0.0000			
45	Nebenniere	0.0000			
	Niere	0.0000			
	Placenta	0.0000			
	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
50		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN			
		%Haeufigkeit			
	Brust	0.0000			
55	Eierstock_n	0.0000			
	Eierstock_t	0.0000			
	Endokrines_Gewebe	0.0000			
	Foetal	0.0000			
	Gastrointestinal	0.0000			
60	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut-Muskel	0.0000			
	Hoden	0.0000			
	Lunge	0.0000			
	Nerven	0.0000			
65	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
	Uterus_n	0.0000			

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 37

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0156	0.0000	undef	0.0000
	Brust	0.0038	0.0038	1.0208	0.9796
	Duenn darm	0.0184	0.0000	undef	0.0000
	Eierstock	0.0090	0.0052	1.7269	0.5791
	Endokrines Gewebe	0.0068	0.0025	2.7170	0.3681
10	Gastrointestinal	0.0057	0.0000	undef	0.0000
	Gehirn	0.0089	0.0144	0.6171	1.6205
	Haematopoetisch	0.0040	0.0000	undef	0.0000
	Haut	0.0037	0.0000	undef	0.0000
	Hepatisch	0.0095	0.0065	1.4706	0.6800
15	Herz	0.0095	0.0000	undef	0.0000
	Hoden	0.0115	0.0000	undef	0.0000
	Lunge	0.0135	0.0123	1.1007	0.9085
	Magen-Speiserohre	0.0097	0.0077	1.2605	0.7933
	Muskel-Skelett	0.0034	0.0120	0.2856	3.5020
20	Niere	0.0054	0.0068	0.7930	1.2610
	Pankreas	0.0000	0.0000	undef	undef
	Penis	0.0060	0.0000	undef	0.0000
	Prostata	0.0022	0.0149	0.1462	6.8384
	Uterus_Endometrium	0.0135	0.0000	undef	0.0000
25	Uterus_Myometrium	0.0076	0.0136	0.5611	1.7821
	Uterus_allgemein	0.0255	0.1908	0.1334	7.4943
	Brust-Hyperplasie	0.0096			
	Prostata-Hyperplasie	0.0059			
	Samenblase	0.0000			
30	Sinnesorgane	0.0118			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0104			
	Zervix	0.0000			
35					
40					
45					
50					
55					
60					
65					

NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN

%Haeufigkeit

	Brust	0.0000
55	Eierstock_n	0.1595
	Eierstock_t	0.0253
	Endokrines Gewebe	0.0000
	Foetal	0.0116
	Gastrointestinal	0.0366
60	Haematopoetisch	0.0456
	Haut-Muskel	0.0162
	Hoden	0.0000
	Lunge	0.0000
	Nerven	0.0221
65	Prostata	0.0068
	Sinnesorgane	0.0077
	Uterus_n	0.0000

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 38

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0273	0.0051	5.3391	0.1873
	Brust	0.0026	0.0075	0.3403	2.9389
	Duennndarm	0.0061	0.0000	undef	0.0000
	Eierstock	0.0030	0.0000	undef	0.0000
	Endokrines_Gewebe	0.0068	0.0125	0.5434	1.8403
10	Gastrointestinal	0.0019	0.0046	0.4142	2.4145
	Gehirn	0.0081	0.0031	2.6399	0.3788
	Haematopoetisch	0.0040	0.0000	undef	0.0000
	Haut	0.0257	0.0000	undef	0.0000
	Hepatisch	0.0048	0.0000	undef	0.0000
15	Herz	0.0064	0.0000	undef	0.0000
	Hoden	0.0000	0.0000	undef	undef
	Lunge	0.0042	0.0102	0.4064	2.4605
	Magen-Speiseroehre	0.0000	0.0000	undef	undef
	Muskel-Skelett	0.0069	0.0000	undef	0.0000
20	Niere	0.0136	0.0205	0.6609	1.5132
	Pankreas	0.0033	0.0000	undef	0.0000
	Penis	0.0090	0.0000	undef	0.0000
	Prostata	0.0109	0.0021	5.1181	0.1954
	Uterus_Endometrium	0.0068	0.0528	0.1280	7.8106
25	Uterus_Myometrium	0.0000	0.0000	undef	undef
	Uterus_allgemein	0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust-Hyperplasie	0.0128			
	Prostata-Hyperplasie	0.0000			
	Samenblase	0.0089			
30	Sinnesorgane	0.0235			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0009			
	Zervix	0.0000			
35		FOETUS			
		%Haeufigkeit			
	Entwicklung	0.0000			
	Gastrointestinal	0.0056			
	Gehirn	0.0125			
40	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut	0.0000			
	Hepatisch	0.0000			
	Herz-Blutgefuesse	0.0107			
	Lunge	0.0036			
45	Nebenniere	0.0507			
	Niere	0.0000			
	Placenta	0.0000			
	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
50					
		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN			
		%Haeufigkeit			
	Brust	0.0000			
55	Eierstock_n	0.0000			
	Eierstock_t	0.0051			
	Endokrines_Gewebe	0.0000			
	Foetal	0.0012			
	Gastrointestinal	0.0122			
60	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut-Muskel	0.0000			
	Hoden	0.0000			
	Lunge	0.0164			
	Nerven	0.0070			
65	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
	Uterus_n	0.0000			

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 39

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0195	0.0000	undef	0.0000
	Brust	0.0000	0.0000	undef	undef
	Duenn darm	0.0000	0.0000	undef	undef
	Eierstock	0.0000	0.0000	undef	undef
	Endokrines Gewebe	0.0017	0.0000	undef	0.0000
10	Gastrointestinal	0.0000	0.0000	undef	undef
	Gehirn	0.0000	0.0000	undef	undef
	Haematopoetisch	0.0000	0.0000	undef	undef
	Haut	0.0000	0.0000	undef	undef
	Hepatisch	0.0000	0.0000	undef	undef
15	Herz	0.0000	0.0000	undef	undef
	Hoden	0.0000	0.0000	undef	undef
	Lunge	0.0000	0.0020	0.0000	undef
	Magen-Speiserohre	0.0000	0.0000	undef	undef
	Muskel-Skelett	0.0000	0.0000	undef	undef
20	Niere	0.0000	0.0000	undef	undef
	Pankreas	0.0000	0.0000	undef	undef
	Penis	0.0000	0.0000	undef	undef
	Prostata	0.0000	0.0000	undef	undef
	Uterus_Endometrium	0.0000	0.0000	undef	undef
25	Uterus_Myometrium	0.0000	0.0000	undef	undef
	Uterus_allgemein	0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust-Hyperplasie	0.0000			
	Prostata-Hyperplasie	0.0000			
	Samenblase	0.0000			
30	Sinnesorgane	0.0000			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0000			
	Zervix	0.0000			
35		FOETUS			
		%Haeufigkeit			
	Entwicklung	0.0000			
	Gastrointestinal	0.0000			
	Gehirn	0.0000			
40	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut	0.0000			
	Hepatisch	0.0000			
	Herz-Blutgefuesse	0.0000			
	Lunge	0.0000			
45	Nebenniere	0.0000			
	Niere	0.0000			
	Placenta	0.0000			
	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
50					
		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN			
		%Haeufigkeit			
	Brust	0.0000			
55	Eierstock_n	0.0000			
	Eierstock_t	0.0000			
	Endokrines_Gewebe	0.0000			
	Foetal	0.0000			
	Gastrointestinal	0.0000			
60	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut-Muskel	0.0000			
	Hoden	0.0000			
	Lunge	0.0000			
	Nerven	0.0000			
65	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
	Uterus_n	0.0000			

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 40

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0156	0.0000	undef	0.0000
	Brust	0.0013	0.0019	0.6805	1.4694
	Duennndarm	0.0031	0.0000	undef	0.0000
	Eierstock	0.0000	0.0026	0.0000	undef
	Endokrines_Gewebe	0.0034	0.0050	0.6792	1.4722
10	Gastrointestinal	0.0057	0.0000	undef	0.0000
	Gehirn	0.0007	0.0031	0.2400	4.1669
	Haematopoetisch	0.0040	0.0000	undef	0.0000
	Haut	0.0000	0.0000	undef	undef
	Hepatisch	0.0000	0.0000	undef	undef
15	Herz	0.0000	0.0000	undef	undef
	Hoden	0.0058	0.0000	undef	0.0000
	Lunge	0.0021	0.0041	0.5080	1.9684
	Magen-Speiserohre	0.0000	0.0000	undef	undef
	Muskel-Skelett	0.0086	0.0000	undef	0.0000
20	Niere	0.0027	0.0000	undef	0.0000
	Pankreas	0.0033	0.0000	undef	0.0000
	Penis	0.0000	0.0000	undef	undef
	Prostata	0.0000	0.0000	undef	undef
	Uterus_Endometrium	0.0000	0.0000	undef	undef
25	Uterus_Myometrium	0.0000	0.0000	undef	undef
	Uterus_allgemein	0.0051	0.0000	undef	0.0000
	Brust-Hyperplasie	0.0032			
	Prostata-Hyperplasie	0.0000			
	Samenblase	0.0000			
30	Sinnesorgane	0.0000			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0000			
	Zervix	0.0000			
35					
40					
45					
50					
55					
60					
65					

NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN

%Haeufigkeit

	Brust	0.0136
55	Eierstock_n	0.0000
	Eierstock_t	0.0000
	Endokrines_Gewebe	0.0000
	Foetal	0.0035
	Gastrointestinal	0.0000
60	Haematopoetisch	0.0000
	Haut-Muskel	0.0227
	Hoden	0.0077
	Lunge	0.0000
	Nerven	0.0050
65	Prostata	0.0000
	Sinnesorgane	0.0077
	Uterus_n	0.0000

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 43

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0156	0.0000	undef	0.0000
	Brust	0.0026	0.0019	1.3611	0.7347
	Duenndarm	0.0031	0.0000	undef	0.0000
	Eierstock	0.0000	0.0026	0.0000	undef
	Endokrines_Gewebe	0.0017	0.0000	undef	0.0000
10	Gastrointestinal	0.0019	0.0093	0.2071	4.8289
	Gehirn	0.0030	0.0000	undef	0.0000
	Haematopoetisch	0.0013	0.0000	undef	0.0000
	Haut	0.0000	0.0000	undef	undef
	Hepatisch	0.0000	0.0000	undef	undef
15	Herz	0.0032	0.0000	undef	0.0000
	Hoden	0.0000	0.0000	undef	undef
	Lunge	0.0052	0.0041	1.2701	0.7873
	Magen-Speiserohre	0.0193	0.0000	undef	0.0000
	Muskel-Skelett	0.0069	0.0060	1.1422	0.8755
20	Niere	0.0027	0.0000	undef	0.0000
	Pankreas	0.0017	0.0055	0.2991	3.3428
	Penis	0.0030	0.0000	undef	0.0000
	Prostata	0.0000	0.0021	0.0000	undef
	Uterus_Endometrium	0.0068	0.0000	undef	0.0000
25	Uterus_Myometrium	0.0000	0.0068	0.0000	undef
	Uterus_allgemein	0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust-Hyperplasie	0.0032			
	Prostata-Hyperplasie	0.0000			
	Samenblase	0.0000			
30	Sinnesorgane	0.0118			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0017			
	Zervix	0.0000			
35		FOETUS			
		%Haeufigkeit			
	Entwicklung	0.0000			
	Gastrointestinal	0.0000			
	Gehirn	0.0000			
40	Haematopoetisch	0.0039			
	Haut	0.0000			
	Hepatisch	0.0000			
	Herz-Blutgefuesse	0.0071			
	Lunge	0.0036			
45	Nebenniere	0.0000			
	Niere	0.0000			
	Placenta	0.0000			
	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
50					
		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN			
		%Haeufigkeit			
	Brust	0.0000			
55	Eierstock_n	0.0000			
	Eierstock_t	0.0152			
	Endokrines_Gewebe	0.0000			
	Foetal	0.0000			
	Gastrointestinal	0.0244			
60	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut-Muskel	0.0000			
	Hoden	0.0000			
	Lunge	0.0000			
	Nerven	0.0010			
65	Prostata	0.0068			
	Sinnesorgane	0.0000			
	Uterus_n	0.0042			

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 44

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0195	0.0000	undef	0.0000
	Brust	0.0000	0.0000	undef	undef
	Duenndarm	0.0000	0.0000	undef	undef
	Eierstock	0.0000	0.0000	undef	undef
	Endokrines_Gewebe	0.0000	0.0000	undef	undef
10	Gastrointestinal	0.0000	0.0000	undef	undef
	Gehirn	0.0000	0.0000	undef	undef
	Haematopoetisch	0.0000	0.0000	undef	undef
	Haut	0.0000	0.0000	undef	undef
	Hepatisch	0.0000	0.0000	undef	undef
15	Herz	0.0000	0.0000	undef	undef
	Hoden	0.0000	0.0000	undef	undef
	Lunge	0.0000	0.0000	undef	undef
	Magen-Speiserohre	0.0000	0.0000	undef	undef
	Muskel-Skelett	0.0000	0.0000	undef	undef
20	Niere	0.0000	0.0000	undef	undef
	Pankreas	0.0000	0.0000	undef	undef
	Penis	0.0000	0.0000	undef	undef
	Prostata	0.0000	0.0000	undef	undef
	Uterus_Endometrium	0.0000	0.0000	undef	undef
25	Uterus_Myometrium	0.0000	0.0000	undef	undef
	Uterus_allgemein	0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust-Hyperplasie	0.0000			
	Prostata-Hyperplasie	0.0000			
	Samenblase	0.0000			
30	Sinnesorgane	0.0000			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0000			
	Zervix	0.0000			
35		FOETUS			
		%Haeufigkeit			
	Entwicklung	0.0000			
	Gastrointestinal	0.0000			
	Gehirn	0.0000			
40	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut	0.0000			
	Hepatisch	0.0000			
	Herz-Blutgefuesse	0.0000			
	Lunge	0.0000			
45	Nebenniere	0.0000			
	Niere	0.0000			
	Placenta	0.0000			
	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
50					
		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN			
		%Haeufigkeit			
	Brust	0.0000			
55	Eierstock_n	0.0000			
	Eierstock_t	0.0000			
	Endokrines_Gewebe	0.0000			
	Foetal	0.0000			
	Gastrointestinal	0.0000			
60	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut-Muskel	0.0000			
	Hoden	0.0000			
	Lunge	0.0000			
	Nerven	0.0000			
65	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
	Uterus_n	0.0000			

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 46

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0156	0.0000	undef	0.0000
	Brust	0.0000	0.0000	undef	undef
	Duenn darm	0.0000	0.0000	undef	undef
	Eierstock	0.0000	0.0000	undef	undef
	Endokrines_Gewebe	0.0000	0.0000	undef	undef
10	Gastrointestinal	0.0000	0.0000	undef	undef
	Gehirn	0.0000	0.0000	undef	undef
	Haematopoetisch	0.0000	0.0000	undef	undef
	Haut	0.0000	0.0000	undef	undef
	Hepatisch	0.0000	0.0000	undef	undef
15	Herz	0.0000	0.0000	undef	undef
	Hoden	0.0000	0.0000	undef	undef
	Lunge	0.0000	0.0000	undef	undef
	Magen-Speiserohre	0.0000	0.0000	undef	undef
	Muskel-Skelett	0.0000	0.0000	undef	undef
20	Niere	0.0000	0.0000	undef	undef
	Pankreas	0.0000	0.0000	undef	undef
	Penis	0.0000	0.0000	undef	undef
	Prostata	0.0000	0.0000	undef	undef
	Uterus_Endometrium	0.0000	0.0000	undef	undef
25	Uterus_Myometrium	0.0000	0.0000	undef	undef
	Uterus_allgemein	0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust-Hyperplasie	0.0000			
	Prostata-Hyperplasie	0.0000			
	Samenblase	0.0000			
30	Sinnesorgane	0.0000			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0000			
	Zervix	0.0000			
35		FOETUS			
		%Haeufigkeit			
	Entwicklung	0.0000			
	Gastrointestinal	0.0000			
	Gehirn	0.0000			
40	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut	0.0000			
	Hepatisch	0.0000			
	Herz-Blutgefuesse	0.0000			
	Lunge	0.0000			
45	Nebenniere	0.0000			
	Niere	0.0000			
	Placenta	0.0000			
	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
50					
		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN			
		%Haeufigkeit			
	Brust	0.0000			
55	Eierstock_n	0.0000			
	Eierstock_t	0.0000			
	Endokrines_Gewebe	0.0000			
	Foetal	0.0000			
	Gastrointestinal	0.0000			
60	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut-Muskel	0.0000			
	Hoden	0.0000			
	Lunge	0.0000			
	Nerven	0.0000			
65	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
	Uterus_n	0.0000			

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 47

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0273	0.0000	undef	0.0000
	Brust	0.0000	0.0000	undef	undef
	Duenn darm	0.0000	0.0000	undef	undef
	Eierstock	0.0000	0.0000	undef	undef
	Endokrines_Gewebe	0.0000	0.0000	undef	undef
10	Gastrointestinal	0.0000	0.0000	undef	undef
	Gehirn	0.0000	0.0010	0.0000	undef
	Haematopoetisch	0.0013	0.0000	undef	0.0000
	Haut	0.0000	0.0000	undef	undef
	Hepatisch	0.0000	0.0000	undef	undef
15	Herz	0.0000	0.0000	undef	undef
	Hoden	0.0000	0.0000	undef	undef
	Lunge	0.0010	0.0000	undef	0.0000
	Magen-Speiserohre	0.0000	0.0000	undef	undef
	Muskel-Skelett	0.0000	0.0000	undef	undef
20	Niere	0.0000	0.0000	undef	undef
	Pankreas	0.0000	0.0000	undef	undef
	Penis	0.0000	0.0000	undef	undef
	Prostata	0.0000	0.0000	undef	undef
	Uterus_Endometrium	0.0000	0.0000	undef	undef
25	Uterus_Myometrium	0.0000	0.0000	undef	undef
	Uterus_allgemein	0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust-Hyperplasie	0.0000			
	Prostata-Hyperplasie	0.0000			
	Samenblase	0.0000			
30	Sinnesorgane	0.0000			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0009			
	Zervix	0.0000			
35		FOETUS			
		%Haeufigkeit			
	Entwicklung	0.0000			
	Gastrointestinal	0.0000			
	Gehirn	0.0000			
40	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut	0.0000			
	Hepatisch	0.0000			
	Herz-Blutgefuesse	0.0000			
	Lunge	0.0000			
45	Nebenniere	0.0000			
	Niere	0.0000			
	Placenta	0.0000			
	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
50					
		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN			
		%Haeufigkeit			
	Brust	0.0000			
55	Eierstock_n	0.0000			
	Eierstock_t	0.0000			
	Endokrines_Gewebe	0.0000			
	Foetal	0.0000			
	Gastrointestinal	0.0000			
60	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut-Muskel	0.0000			
	Hoden	0.0000			
	Lunge	0.0000			
	Nerven	0.0000			
65	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
	Uterus_n	0.0000			

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 48

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0273	0.0000	undef	0.0000
	Brust	0.0013	0.0019	0.6805	1.4694
	Duenn darm	0.0031	0.0000	undef	0.0000
	Eierstock	0.0030	0.0052	0.5756	1.7372
	Endokrines_Gewebe	0.0017	0.0025	0.6792	1.4722
10	Gastrointestinal	0.0019	0.0046	0.4142	2.4145
	Gehirn	0.0007	0.0000	undef	0.0000
	Haematopoetisch	0.0013	0.0000	undef	0.0000
	Haut	0.0037	0.0000	undef	0.0000
	Hepatisch	0.0048	0.0000	undef	0.0000
15	Herz	0.0042	0.0000	undef	0.0000
	Hoden	0.0000	0.0000	undef	undef
	Lunge	0.0010	0.0020	0.5080	1.9684
	Magen-Speiserohre	0.0000	0.0000	undef	undef
	Muskel-Skelett	0.0034	0.0000	undef	0.0000
20	Niere	0.0027	0.0000	undef	0.0000
	Pankreas	0.0000	0.0000	undef	undef
	Penis	0.0000	0.0000	undef	undef
	Prostata	0.0022	0.0021	1.0236	0.9769
	Uterus_Endometrium	0.0068	0.0000	undef	0.0000
25	Uterus_Myometrium	0.0000	0.0068	0.0000	undef
	Uterus_allgemein	0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust-Hyperplasie	0.0064			
	Prostata-Hyperplasie	0.0000			
	Samenblase	0.0000			
30	Sinnesorgane	0.0000			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0017			
	Zervix	0.0000			
35	FOETUS				
	%Haeufigkeit				
	Entwicklung	0.0278			
	Gastrointestinal	0.0000			
	Gehirn	0.0000			
40	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut	0.0000			
	Hepatisch	0.0000			
	Herz-Blutgefuesse	0.0036			
	Lunge	0.0072			
45	Nebenniere	0.0000			
	Niere	0.0000			
	Placenta	0.0061			
	Prostata	0.0249			
	Sinnesorgane	0.0000			
50	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN				
	%Haeufigkeit				
	Brust	0.0000			
55	Eierstock_n	0.0000			
	Eierstock_t	0.0000			
	Endokrines_Gewebe	0.0000			
	Foetal	0.0017			
	Gastrointestinal	0.0000			
60	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut-Muskel	0.0000			
	Hoden	0.0000			
	Lunge	0.0000			
	Nerven	0.0060			
65	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
	Uterus_n	0.0000			

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 50

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0156	0.0000	undef	0.0000
	Brust	0.0000	0.0000	undef	undef
	Duennndarm	0.0000	0.0000	undef	undef
	Eierstock	0.0000	0.0000	undef	undef
	Endokrines_Gewebe	0.0000	0.0000	undef	undef
10	Gastrointestinal	0.0000	0.0000	undef	undef
	Gehirn	0.0000	0.0000	undef	undef
	Haematopoetisch	0.0000	0.0000	undef	undef
	Haut	0.0000	0.0000	undef	undef
	Hepatisch	0.0000	0.0000	undef	undef
15	Herz	0.0000	0.0000	undef	undef
	Hoden	0.0000	0.0000	undef	undef
	Lunge	0.0000	0.0000	undef	undef
	Magen-Speiseroehre	0.0000	0.0000	undef	undef
	Muskel-Skelett	0.0000	0.0000	undef	undef
20	Niere	0.0000	0.0000	undef	undef
	Pankreas	0.0000	0.0000	undef	undef
	Penis	0.0000	0.0000	undef	undef
	Prostata	0.0000	0.0000	undef	undef
	Uterus_Endometrium	0.0000	0.0000	undef	undef
25	Uterus_Myometrium	0.0000	0.0000	undef	undef
	Uterus_allgemein	0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust-Hyperplasie	0.0000			
	Prostata-Hyperplasie	0.0000			
	Samenblase	0.0000			
30	Sinnesorgane	0.0000			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0000			
	Zervix	0.0000			
35		FOETUS			
		%Haeufigkeit			
	Entwicklung	0.0000			
	Gastrointestinal	0.0000			
	Gehirn	0.0000			
40	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut	0.0000			
	Hepatisch	0.0000			
	Herz-Blutgefuesse	0.0000			
	Lunge	0.0000			
45	Nebenniere	0.0000			
	Niere	0.0000			
	Placenta	0.0000			
	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
50		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN			
		%Haeufigkeit			
	Brust	0.0000			
55	Eierstock_n	0.0000			
	Eierstock_t	0.0000			
	Endokrines_Gewebe	0.0000			
	Foetal	0.0000			
	Gastrointestinal	0.0000			
60	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut-Muskel	0.0000			
	Hoden	0.0000			
	Lunge	0.0000			
	Nerven	0.0000			
65	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
	Uterus_n	0.0000			

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 51

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0156	0.0000	undef	0.0000
	Brust	0.0026	0.0000	undef	0.0000
	Duenn darm	0.0000	0.0000	undef	undef
	Eierstock	0.0060	0.0078	0.7675	1.3029
	Endokrines Gewebe	0.0034	0.0025	1.3585	0.7361
10	Gastrointestinal	0.0057	0.0000	undef	0.0000
	Gehirn	0.0022	0.0021	1.0799	0.9260
	Haematopoetisch	0.0027	0.0000	undef	0.0000
	Haut	0.0000	0.0000	undef	undef
	Hepatisch	0.0000	0.0000	undef	undef
15	Herz	0.0053	0.0000	undef	0.0000
	Hoden	0.0000	0.0000	undef	undef
	Lunge	0.0031	0.0000	undef	0.0000
	Magen-Speiserohre	0.0000	0.0000	undef	undef
	Muskel-Skelett	0.0000	0.0000	undef	undef
20	Niere	0.0000	0.0000	undef	undef
	Pankreas	0.0000	0.0166	0.0000	undef
	Penis	0.0000	0.0000	undef	undef
	Prostata	0.0022	0.0000	undef	0.0000
	Uterus_Endometrium	0.0068	0.0000	undef	0.0000
25	Uterus_Myometrium	0.0000	0.0000	undef	undef
	Uterus_allgemein	0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust-Hyperplasie	0.0032			
	Prostata-Hyperplasie	0.0059			
	Samenblase	0.0000			
30	Sinnesorgane	0.0000			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0026			
	Zervix	0.0000			
35		FOETUS			
		%Haeufigkeit			
	Entwicklung	0.0000			
	Gastrointestinal	0.0000			
	Gehirn	0.0000			
40	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut	0.0000			
	Hepatisch	0.0000			
	Herz-Blutgefuesse	0.0000			
	Lunge	0.0000			
45	Nebenniere	0.0000			
	Niere	0.0000			
	Placenta	0.0061			
	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
50					
		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN			
		%Haeufigkeit			
	Brust	0.0136			
55	Eierstock_n	0.0000			
	Eierstock_t	0.0000			
	Endokrines Gewebe	0.0000			
	Foetal	0.0041			
	Gastrointestinal	0.0000			
60	Haematopoetisch	0.0057			
	Haut-Muskel	0.0000			
	Hoden	0.0000			
	Lunge	0.0000			
	Nerven	0.0000			
65	Prostata	0.0068			
	Sinnesorgane	0.0000			
	Uterus_n	0.0000			

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 52

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0312	0.0000	undef	0.0000
	Brust	0.0000	0.0000	undef	undef
	Duenn darm	0.0000	0.0000	undef	undef
	Eierstock	0.0000	0.0000	undef	undef
	Endokrines Gewebe	0.0000	0.0000	undef	undef
10	Gastrointestinal	0.0000	0.0000	undef	undef
	Gehirn	0.0000	0.0010	0.0000	undef
	Haematopoetisch	0.0000	0.0000	undef	undef
	Haut	0.0037	0.0000	undef	0.0000
	Hepatisch	0.0000	0.0000	undef	undef
15	Herz	0.0000	0.0000	undef	undef
	Hoden	0.0000	0.0000	undef	undef
	Lunge	0.0000	0.0000	undef	undef
	Magen-Speiserohre	0.0000	0.0000	undef	undef
	Muskel-Skelett	0.0000	0.0000	undef	undef
20	Niere	0.0000	0.0000	undef	undef
	Pankreas	0.0000	0.0000	undef	undef
	Penis	0.0000	0.0000	undef	undef
	Prostata	0.0000	0.0000	undef	undef
	Uterus_Endometrium	0.0000	0.0000	undef	undef
25	Uterus_Myometrium	0.0000	0.0000	undef	undef
	Uterus_allgemein	0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust-Hyperplasie	0.0000			
	Prostata-Hyperplasie	0.0000			
	Samenblase	0.0000			
30	Sinnesorgane	0.0000			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0000			
	Zervix	0.0000			
35		FOETUS			
		%Haeufigkeit			
	Entwicklung	0.0000			
	Gastrointestinal	0.0000			
	Gehirn	0.0000			
40	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut	0.0000			
	Hepatisch	0.0000			
	Herz-Blutgefuesse	0.0000			
	Lunge	0.0000			
45	Nebenniere	0.0000			
	Niere	0.0000			
	Placenta	0.0000			
	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
50					
		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN			
		%Haeufigkeit			
	Brust	0.0000			
55	Eierstock_n	0.0000			
	Eierstock_t	0.0000			
	Endokrines_Gewebe	0.0000			
	Foetal	0.0000			
	Gastrointestinal	0.0000			
60	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut-Muskel	0.0000			
	Hoden	0.0000			
	Lunge	0.0000			
	Nerven	0.0000			
65	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
	Uterus_n	0.0000			

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 53

		NORMAL		TUMOR		Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit		%Haeufigkeit		N/T	T/N
5	Blase	0.0195	0.0000	0.0000	0.0000	undef	0.0000
	Brust	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	undef	undef
	Duennndarm	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	undef	undef
	Eierstock	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	undef	undef
	Endokrines_Gewebe	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	undef	undef
10	Gastrointestinal	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	undef	undef
	Gehirn	0.0000	0.0010	0.0010	0.0000	undef	undef
	Haematopoetisch	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	undef	undef
	Haut	0.0037	0.0000	0.0000	0.0000	undef	0.0000
	Hepatisch	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	undef	undef
15	Herz	0.0011	0.0000	0.0000	0.0000	undef	0.0000
	Hoden	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	undef	undef
	Lunge	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	undef	undef
	Magen-Speiseroehre	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	undef	undef
	Muskel-Skelett	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	undef	undef
20	Niere	0.0027	0.0000	0.0000	0.0000	undef	0.0000
	Pankreas	0.0000	0.0000	0.0055	0.0000	0.0000	undef
	Penis	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	undef	undef
	Prostata	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	undef	undef
	Uterus_Endometrium	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	undef	undef
25	Uterus_Myometrium	0.0076	0.0000	0.0000	0.0000	undef	0.0000
	Uterus_allgemein	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust-Hyperplasie	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	undef	undef
	Prostata-Hyperplasie	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	undef	undef
	Samenblase	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	undef	undef
30	Sinnesorgane	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	undef	undef
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	undef	undef
	Zervix	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	undef	undef
35		FOETUS					
		%Haeufigkeit					
	Entwicklung	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	undef	undef
	Gastrointestinal	0.0028	0.0000	0.0000	0.0000	undef	undef
	Gehirn	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	undef	undef
40	Haematopoetisch	0.0039	0.0000	0.0000	0.0000	undef	undef
	Haut	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	undef	undef
	Hepatisch	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	undef	undef
	Herz-Blutgefuesse	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	undef	undef
	Lunge	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	undef	undef
45	Nebenniere	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	undef	undef
	Niere	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	undef	undef
	Placenta	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	undef	undef
	Prostata	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	undef	undef
	Sinnesorgane	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	undef	undef
50		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN					
		%Haeufigkeit					
	Brust	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	undef	undef
55	Eierstock_n	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	undef	undef
	Eierstock_t	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	undef	undef
	Endokrines_Gewebe	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	undef	undef
	Foetal	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	undef	undef
	Gastrointestinal	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	undef	undef
60	Haematopoetisch	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	undef	undef
	Haut-Muskel	0.0032	0.0000	0.0000	0.0000	undef	undef
	Hoden	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	undef	undef
	Lunge	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	undef	undef
	Nerven	0.0020	0.0000	0.0000	0.0000	undef	undef
65	Prostata	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	undef	undef
	Sinnesorgane	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	undef	undef
	Uterus_n	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	undef	undef

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 54

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0195	0.0000	undef	0.0000
	Brust	0.0000	0.0000	undef	undef
	Duenn darm	0.0000	0.0000	undef	undef
	Eierstock	0.0000	0.0000	undef	undef
	Endokrines_Gewebe	0.0000	0.0000	undef	undef
10	Gastrointestinal	0.0000	0.0093	0.0000	undef
	Gehirn	0.0000	0.0010	0.0000	undef
	Haematopoetisch	0.0000	0.0000	undef	undef
	Haut	0.0000	0.0000	undef	undef
	Hepatisch	0.0000	0.0000	undef	undef
15	Herz	0.0000	0.0000	undef	undef
	Hoden	0.0000	0.0000	undef	undef
	Lunge	0.0000	0.0020	0.0000	undef
	Magen-Speiserohre	0.0000	0.0000	undef	undef
	Muskel-Skelett	0.0000	0.0000	undef	undef
20	Niere	0.0000	0.0000	undef	undef
	Pankreas	0.0000	0.0055	0.0000	undef
	Penis	0.0000	0.0000	undef	undef
	Prostata	0.0000	0.0000	undef	undef
	Uterus_Endometrium	0.0000	0.0000	undef	undef
25	Uterus_Myometrium	0.0076	0.0000	undef	0.0000
	Uterus_aligemein	0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust-Hyperplasie	0.0064			
	Prostata-Hyperplasie	0.0000			
	Samenblase	0.0000			
30	Sinnesorgane	0.0000			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0000			
	Zervix	0.0106			
35	FOETUS				
	%Haeufigkeit				
	Entwicklung	0.0000			
	Gastrointestinal	0.0000			
	Gehirn	0.0000			
40	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut	0.0000			
	Hepatisch	0.0000			
	Herz-Blutgefuesse	0.0000			
	Lunge	0.0000			
45	Nebenniere	0.0000			
	Niere	0.0000			
	Placenta	0.0000			
	Prostata	0.0000			
50	Sinnesorgane	0.0000			
55	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN				
	%Haeufigkeit				
	Brust	0.0000			
	Eierstock_n	0.0000			
	Eierstock_t	0.0000			
	Endokrines_Gewebe	0.0000			
	Foetal	0.0000			
	Gastrointestinal	0.0000			
60	Haematopoetisch	0.0057			
	Haut-Muskel	0.0000			
	Hoden	0.0000			
	Lunge	0.0000			
	Nerven	0.0000			
65	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
	Uterus_n	0.0000			

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 55

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0234	0.0000	undef	0.0000
	Brust	0.0000	0.0000	undef	undef
	Duenn darm	0.0000	0.0000	undef	undef
	Eierstock	0.0000	0.0000	undef	undef
	Endokrines_Gewebe	0.0000	0.0000	undef	undef
10	Gastrointestinal	0.0000	0.0000	undef	undef
	Gehirn	0.0000	0.0000	undef	undef
	Haematopoetisch	0.0013	0.0000	undef	0.0000
	Haut	0.0000	0.0000	undef	undef
	Hepatisch	0.0000	0.0000	undef	undef
15	Herz	0.0000	0.0000	undef	undef
	Hoden	0.0000	0.0000	undef	undef
	Lunge	0.0000	0.0000	undef	undef
	Magen-Speiserohre	0.0000	0.0077	0.0000	undef
	Muskel-Skelett	0.0000	0.0000	undef	undef
20	Niere	0.0000	0.0000	undef	undef
	Pankreas	0.0000	0.0000	undef	undef
	Penis	0.0000	0.0000	undef	undef
	Prostata	0.0000	0.0000	undef	undef
	Uterus_Endometrium	0.0000	0.0000	undef	undef
25	Uterus_Myometrium	0.0000	0.0000	undef	undef
	Uterus_allgemein	0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust-Hyperplasie	0.0000			
	Prostata-Hyperplasie	0.0000			
	Samenblase	0.0000			
30	Sinnesorgane	0.0000			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0000			
	Zervix	0.0000			
35					
40					
45					
50					
55					
60					
65					

NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN

	%Haeufigkeit
Brust	0.0000
Eierstock_n	0.0000
Eierstock_t	0.0000
Endokrines_Gewebe	0.0000
Foetal	0.0000
Gastrointestinal	0.0000
Haematopoetisch	0.0000
Haut-Muskel	0.0000
Hoden	0.0000
Lunge	0.0000
Nerven	0.0000
Prostata	0.0000
Sinnesorgane	0.0000
Uterus_n	0.0000

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 56

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0156	0.0000	undef	0.0000
	Brust	0.0026	0.0000	undef	0.0000
	Duenndarm	0.0000	0.0000	undef	undef
	Eierstock	0.0030	0.0000	undef	0.0000
	Endokrines_Gewebe	0.0051	0.0000	undef	0.0000
10	Gastrointestinal	0.0038	0.0093	0.4142	2.4145
	Gehirn	0.0000	0.0000	undef	undef
	Haematopoetisch	0.0000	0.0000	undef	undef
	Haut	0.0037	0.0000	undef	0.0000
	Hepatisch	0.0000	0.0000	undef	undef
15	Herz	0.0011	0.0000	undef	0.0000
	Hoden	0.0000	0.0000	undef	undef
	Lunge	0.0010	0.0020	0.5080	1.9684
	Magen-Speiserohre	0.0000	0.0000	undef	undef
	Muskel-Skelett	0.0017	0.0000	undef	0.0000
20	Niere	0.0054	0.0068	0.7930	1.2610
	Pankreas	0.0000	0.0000	undef	undef
	Penis	0.0000	0.0000	undef	undef
	Prostata	0.0022	0.0043	0.5118	1.9538
	Uterus_Endometrium	0.0000	0.0000	undef	undef
25	Uterus_Myometrium	0.0000	0.0000	undef	undef
	Uterus_allgemein	0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust-Hyperplasie	0.0000			
	Prostata-Hyperplasie	0.0030			
	Samenblase	0.0000			
30	Sinnesorgane	0.0000			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0009			
	Zervix	0.0000			
35		FOETUS			
		%Haeufigkeit			
	Entwicklung	0.0000			
	Gastrointestinal	0.0028			
	Gehirn	0.0000			
40	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut	0.0000			
	Hepatisch	0.0000			
	Herz-Blutgefuesse	0.0000			
	Lunge	0.0000			
45	Nebenniere	0.0000			
	Niere	0.0000			
	Placenta	0.0000			
	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
50					
		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN			
		%Haeufigkeit			
	Brust	0.0136			
55	Eierstock_n	0.0000			
	Eierstock_t	0.0000			
	Endokrines_Gewebe	0.0000			
	Foetal	0.0012			
	Gastrointestinal	0.0122			
60	Haematopoetisch	0.0228			
	Haut-Muskel	0.0000			
	Hoden	0.0000			
	Lunge	0.0082			
	Nerven	0.0040			
65	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
	Uterus_n	0.0083			

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 57

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0156	0.0000	undef	0.0000
	Brust	0.0000	0.0000	undef	undef
	Duenndarm	0.0000	0.0000	undef	undef
	Eierstock	0.0000	0.0000	undef	undef
	Endokrines_Gewebe	0.0000	0.0025	0.0000	undef
10	Gastrointestinal	0.0000	0.0000	undef	undef
	Gehirn	0.0007	0.0000	undef	0.0000
	Haematopoetisch	0.0027	0.0000	undef	0.0000
	Haut	0.0000	0.0000	undef	undef
	Hepatisch	0.0000	0.0000	undef	undef
15	Herz	0.0000	0.0000	undef	undef
	Hoden	0.0000	0.0000	undef	undef
	Lunge	0.0010	0.0041	0.2540	3.9367
	Magen-Speiserohre	0.0000	0.0000	undef	undef
	Muskel-Skelett	0.0000	0.0000	undef	undef
20	Niere	0.0027	0.0000	undef	0.0000
	Pankreas	0.0000	0.0055	0.0000	undef
	Penis	0.0000	0.0267	0.0000	undef
	Prostata	0.0065	0.0000	undef	0.0000
	Uterus_Endometrium	0.0000	0.0000	undef	undef
25	Uterus_Myometrium	0.0000	0.0068	0.0000	undef
	Uterus_allgemein	0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust-Hyperplasie	0.0000			
	Prostata-Hyperplasie	0.0030			
	Samenblase	0.0000			
30	Sinnesorgane	0.0000			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0000			
	Zervix	0.0000			
35		FOETUS			
		%Haeufigkeit			
	Entwicklung	0.0000			
	Gastrointestinal	0.0000			
	Gehirn	0.0000			
40	Haematopoetisch	0.0039			
	Haut	0.0000			
	Hepatisch	0.0000			
	Herz-Blutgefuesse	0.0036			
	Lunge	0.0036			
45	Nebenniere	0.0000			
	Niere	0.0000			
	Placenta	0.0000			
	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
50					
		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN			
		%Haeufigkeit			
	Brust	0.0000			
55	Eierstock_n	0.0000			
	Eierstock_t	0.0000			
	Endokrines_Gewebe	0.0000			
	Foetal	0.0000			
	Gastrointestinal	0.0000			
60	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut-Muskel	0.0000			
	Hoden	0.0077			
	Lunge	0.0000			
	Nerven	0.0000			
65	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
	Uterus_n	0.0000			

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 58

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0234	0.0026	9.1527	0.1093
	Brust	0.0000	0.0000	undef	undef
	Duennndarm	0.0000	0.0000	undef	undef
	Eierstock	0.0000	0.0000	undef	undef
	Endokrines_Gewebe	0.0000	0.0000	undef	undef
10	Gastrointestinal	0.0000	0.0000	undef	undef
	Gehirn	0.0000	0.0000	undef	undef
	Haematopoetisch	0.0000	0.0000	undef	undef
	Haut	0.0000	0.0000	undef	undef
	Hepatisch	0.0000	0.0000	undef	undef
15	Herz	0.0000	0.0000	undef	undef
	Hoden	0.0000	0.0000	undef	undef
	Lunge	0.0000	0.0000	undef	undef
	Magen-Speiserohre	0.0000	0.0000	undef	undef
	Muskel-Skelett	0.0000	0.0000	undef	undef
20	Niere	0.0000	0.0000	undef	undef
	Pankreas	0.0000	0.0000	undef	undef
	Penis	0.0000	0.0000	undef	undef
	Prostata	0.0000	0.0000	undef	undef
	Uterus_Endometrium	0.0000	0.0000	undef	undef
25	Uterus_Myometrium	0.0000	0.0000	undef	undef
	Uterus_allgemein	0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust-Hyperplasie	0.0000			
	Prostata-Hyperplasie	0.0000			
	Samenblase	0.0000			
30	Sinnesorgane	0.0000			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0000			
	Zervix	0.0000			
35		FOETUS			
		%Haeufigkeit			
	Entwicklung	0.0000			
	Gastrointestinal	0.0000			
	Gehirn	0.0000			
40	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut	0.0000			
	Hepatisch	0.0000			
	Herz-Blutgefuesse	0.0000			
	Lunge	0.0000			
45	Nebenniere	0.0000			
	Niere	0.0000			
	Placenta	0.0000			
	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
50					
		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN			
		%Haeufigkeit			
	Brust	0.0000			
55	Eierstock_n	0.0000			
	Eierstock_t	0.0000			
	Endokrines_Gewebe	0.0000			
	Foetal	0.0000			
	Gastrointestinal	0.0000			
60	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut-Muskel	0.0000			
	Hoden	0.0000			
	Lunge	0.0000			
	Nerven	0.0000			
65	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
	Uterus_n	0.0000			

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 59

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0273	0.0000	undef	0.0000
	Brust	0.0000	0.0000	undef	undef
	Duenn darm	0.0000	0.0000	undef	undef
	Eierstock	0.0000	0.0000	undef	undef
	Endokrines Gewebe	0.0000	0.0000	undef	undef
10	Gastrointestinal	0.0000	0.0000	undef	undef
	Gehirn	0.0000	0.0000	undef	undef
	Haematopoetisch	0.0000	0.0000	undef	undef
	Haut	0.0000	0.0000	undef	undef
	Hepatisch	0.0000	0.0000	undef	undef
15	Herz	0.0000	0.0000	undef	undef
	Hoden	0.0000	0.0117	0.0000	undef
	Lunge	0.0000	0.0020	0.0000	undef
	Magen-Speiserohre	0.0000	0.0000	undef	undef
	Muskel-Skelett	0.0000	0.0000	undef	undef
20	Niere	0.0000	0.0000	undef	undef
	Pankreas	0.0000	0.0000	undef	undef
	Penis	0.0000	0.0000	undef	undef
	Prostata	0.0000	0.0000	undef	undef
	Uterus_Endometrium	0.0000	0.0000	undef	undef
25	Uterus_Myometrium	0.0000	0.0000	undef	undef
	Uterus_allgemein	0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust-Hyperplasie	0.0000			
	Prostata-Hyperplasie	0.0000			
	Samenblase	0.0000			
30	Sinnesorgane	0.0000			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0000			
	Zervix	0.0000			
35		FOETUS			
		%Haeufigkeit			
	Entwicklung	0.0000			
	Gastrointestinal	0.0028			
	Gehirn	0.0000			
40	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut	0.0000			
	Hepatisch	0.0000			
	Herz-Blutgefuesse	0.0000			
	Lunge	0.0000			
45	Nebenniere	0.0000			
	Niere	0.0000			
	Placenta	0.0000			
	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
50					
		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN			
		%Haeufigkeit			
	Brust	0.0000			
55	Eierstock_n	0.0000			
	Eierstock_t	0.0000			
	Endokrines_Gewebe	0.0000			
	Foetal	0.0000			
	Gastrointestinal	0.0000			
60	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut-Muskel	0.0000			
	Hoden	0.0000			
	Lunge	0.0000			
	Nerven	0.0000			
65	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
	Uterus_n	0.0000			

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 60

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0156	0.0000	undef	0.0000
	Brust	0.0051	0.0038	1.3611	0.7347
	Duennndarm	0.0031	0.0000	undef	0.0000
	Eierstock	0.0030	0.0000	undef	0.0000
	Endokrines_Gewebe	0.0051	0.0000	undef	0.0000
10	Gastrointestinal	0.0038	0.0000	undef	0.0000
	Gehirn	0.0022	0.0021	1.0799	0.9260
	Haematopoetisch	0.0000	0.0000	undef	undef
	Haut	0.0000	0.0000	undef	undef
	Hepatisch	0.0000	0.0000	undef	undef
15	Herz	0.0021	0.0000	undef	0.0000
	Hoden	0.0000	0.0000	undef	undef
	Lunge	0.0000	0.0000	undef	undef
	Magen-Speiserohre	0.0000	0.0000	undef	undef
	Muskel-Skelett	0.0000	0.0060	0.0000	undef
20	Niere	0.0027	0.0000	undef	0.0000
	Pankreas	0.0050	0.0000	undef	0.0000
	Penis	0.0000	0.0000	undef	undef
	Prostata	0.0000	0.0021	0.0000	undef
	Uterus_Endometrium	0.0000	0.0000	undef	undef
25	Uterus_Myometrium	0.0000	0.0000	undef	undef
	Uterus_allgemein	0.0051	0.0000	undef	0.0000
	Brust-Hyperplasie	0.0032			
	Prostata-Hyperplasie	0.0000			
	Samenblase	0.0000			
30	Sinnesorgane	0.0000			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0009			
	Zervix	0.0000			
35		FOETUS			
		%Haeufigkeit			
	Entwicklung	0.0000			
	Gastrointestinal	0.0000			
	Gehirn	0.0000			
40	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut	0.0000			
	Hepatisch	0.0000			
	Herz-Blutgefuesse	0.0000			
	Lunge	0.0000			
45	Nebenniere	0.0000			
	Niere	0.0000			
	Placenta	0.0000			
	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
50					
		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN			
		%Haeufigkeit			
	Brust	0.0000			
55	Eierstock_n	0.1595			
	Eierstock_t	0.0203			
	Endokrines_Gewebe	0.0000			
	Foetal	0.0000			
	Gastrointestinal	0.0000			
60	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut-Muskel	0.0000			
	Hoden	0.0000			
	Lunge	0.0000			
	Nerven	0.0070			
65	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
	Uterus_n	0.0000			

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 61

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0156	0.0000	undef	0.0000
	Brust	0.0000	0.0000	undef	undef
	Duenndarm	0.0061	0.0165	0.3707	2.6973
	Eierstock	0.0030	0.0052	0.5756	1.7372
	Endokrines_Gewebe	0.0034	0.0075	0.4528	2.2083
10	Gastrointestinal	0.0000	0.0046	0.0000	undef
	Gehirn	0.0067	0.0051	1.2959	0.7716
	Haematopoetisch	0.0000	0.0000	undef	undef
	Haut	0.0000	0.0000	undef	undef
	Hepatisch	0.0000	0.0000	undef	undef
15	Herz	0.0074	0.0000	undef	0.0000
	Hoden	0.0000	0.0117	0.0000	undef
	Lunge	0.0031	0.0061	0.5080	1.9684
	Magen-Speiserohre	0.0097	0.0077	1.2605	0.7933
	Muskel-Skelett	0.0034	0.0120	0.2856	3.5020
20	Niere	0.0081	0.0068	1.1896	0.8406
	Pankreas	0.0066	0.0000	undef	0.0000
	Penis	0.0060	0.0000	undef	0.0000
	Prostata	0.0000	0.0000	undef	undef
	Uterus_Endometrium	0.0000	0.0000	undef	undef
25	Uterus_Myometrium	0.0000	0.0068	0.0000	undef
	Uterus_allgemein	0.0153	0.0000	undef	0.0000
	Brust-Hyperplasie	0.0000			
	Prostata-Hyperplasie	0.0030			
	Samenblase	0.0000			
30	Sinnesorgane	0.0000			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0061			
	Zervix	0.0000			
35		FOETUS			
		%Haeufigkeit			
	Entwicklung	0.0000			
	Gastrointestinal	0.0056			
	Gehirn	0.0000			
40	Haematopoetisch	0.0079			
	Haut	0.0000			
	Hepatisch	0.0000			
	Herz-Blutgefuesse	0.0036			
	Lunge	0.0000			
45	Nebenniere	0.0000			
	Niere	0.0000			
	Placenta	0.0000			
	Prostata	0.0249			
	Sinnesorgane	0.0000			
50					
		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN			
		%Haeufigkeit			
	Brust	0.0000			
55	Eierstock_n	0.0000			
	Eierstock_t	0.0152			
	Endokrines_Gewebe	0.0000			
	Foetal	0.0064			
	Gastrointestinal	0.0000			
60	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut-Muskel	0.0130			
	Hoden	0.0000			
	Lunge	0.0082			
	Nerven	0.0010			
65	Prostata	0.0068			
	Sinnesorgane	0.0000			
	Uterus_n	0.0042			

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 62

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0156	0.0000	undef	0.0000
	Brust	0.0000	0.0000	undef	undef
	Duenn darm	0.0061	0.0000	undef	0.0000
	Eierstock	0.0030	0.0000	undef	0.0000
	Endokrines_Gewebe	0.0000	0.0000	undef	undef
10	Gastrointestinal	0.0019	0.0000	undef	0.0000
	Gehirn	0.0022	0.0010	2.1599	0.4630
	Haematopoetisch	0.0000	0.0000	undef	undef
	Haut	0.0000	0.0000	undef	undef
	Hepatisch	0.0000	0.0000	undef	undef
15	Herz	0.0000	0.0000	undef	undef
	Hoden	0.0000	0.0000	undef	undef
	Lunge	0.0000	0.0000	undef	undef
	Magen-Speiserohre	0.0000	0.0000	undef	undef
	Muskel-Skelett	0.0017	0.0000	undef	0.0000
20	Niere	0.0027	0.0000	undef	0.0000
	Pankreas	0.0000	0.0000	undef	undef
	Penis	0.0000	0.0000	undef	undef
	Prostata	0.0000	0.0043	0.0000	undef
	Uterus_Endometrium	0.0000	0.0000	undef	undef
25	Uterus_Myometrium	0.0000	0.0000	undef	undef
	Uterus_allgemein	0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust-Hyperplasie	0.0000			
	Prostata-Hyperplasie	0.0000			
	Samenblase	0.0000			
30	Sinnesorgane	0.0000			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0000			
	Zervix	0.0000			
35		FOETUS			
		%Haeufigkeit			
	Entwicklung	0.0000			
	Gastrointestinal	0.0000			
	Gehirn	0.0063			
40	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut	0.0000			
	Hepatisch	0.0000			
	Herz-Blutgefuesse	0.0000			
	Lunge	0.0000			
45	Nebenniere	0.0000			
	Niere	0.0000			
	Placenta	0.0000			
	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
50					
		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN			
		%Haeufigkeit			
	Brust	0.0068			
55	Eierstock_n	0.0000			
	Eierstock_t	0.0000			
	Endokrines_Gewebe	0.0000			
	Foetal	0.0006			
	Gastrointestinal	0.0000			
60	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut-Muskel	0.0000			
	Hoden	0.0000			
	Lunge	0.0000			
	Nerven	0.0000			
65	Prostata	0.0068			
	Sinnesorgane	0.0000			
	Uterus_n	0.0000			

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 63

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0351	0.0051	6.8645	0.1457
	Brust	0.0026	0.0075	0.3403	2.9389
	Duenn darm	0.0031	0.0000	undef	0.0000
	Eierstock	0.0000	0.0052	0.0000	undef
	Endokrines Gewebe	0.0034	0.0000	undef	0.0000
10	Gastrointestinal	0.0019	0.0046	0.4142	2.4145
	Gehirn	0.0015	0.0041	0.3600	2.7779
	Haematopoetisch	0.0027	0.0000	undef	0.0000
	Haut	0.0073	0.0000	undef	0.0000
	Hepatisch	0.0048	0.0000	undef	0.0000
15	Herz	0.0000	0.0000	undef	undef
	Hoden	0.0058	0.0117	0.4920	2.0326
	Lunge	0.0042	0.0041	1.0161	0.9842
	Magen-Speiserohre	0.0000	0.0000	undef	undef
	Muskel-Skelett	0.0000	0.0120	0.0000	undef
20	Niere	0.0027	0.0000	undef	0.0000
	Pankreas	0.0017	0.0000	undef	0.0000
	Penis	0.0030	0.0000	undef	0.0000
	Prostata	0.0022	0.0000	undef	0.0000
	Uterus_Endometrium	0.0068	0.0000	undef	0.0000
25	Uterus_Myometrium	0.0076	0.0000	undef	0.0000
	Uterus_allgemein	0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust-Hyperplasie	0.0000			
	Prostata-Hyperplasie	0.0089			
	Samenblase	0.0000			
30	Sinnesorgane	0.0118			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0009			
	Zervix	0.0106			
35		FOETUS			
		%Haeufigkeit			
	Entwicklung	0.0278			
	Gastrointestinal	0.0000			
	Gehirn	0.0000			
40	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut	0.0000			
	Hepatisch	0.0000			
	Herz-Blutgefuesse	0.0000			
	Lunge	0.0000			
45	Nebenniere	0.0000			
	Niere	0.0000			
	Placenta	0.0061			
	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
50					
		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN			
		%Haeufigkeit			
	Brust	0.0000			
55	Eierstock_n	0.0000			
	Eierstock_t	0.0000			
	Endokrines Gewebe	0.0000			
	Foetal	0.0012			
	Gastrointestinal	0.0122			
60	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut-Muskel	0.0097			
	Hoden	0.0000			
	Lunge	0.0000			
	Nerven	0.0050			
65	Prostata	0.0068			
	Sinnesorgane	0.0000			
	Uterus_n	0.0042			

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 65

		NORMAL		TUMOR		Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit		%Haeufigkeit		N/T	T/N
5	Blase	0.0195	0.0000	0.0000	0.0000	undef	0.0000
	Brust	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	undef	undef
	Duennndarm	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	undef	undef
	Eierstock	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	undef	undef
	Endokrines_Gewebe	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	undef	undef
10	Gastrointestinal	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	undef	undef
	Gehirn	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	undef	undef
	Haematopoetisch	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	undef	undef
	Haut	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	undef	undef
	Hepatisch	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	undef	undef
15	Herz	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	undef	undef
	Hoden	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	undef	undef
	Lunge	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	undef	undef
	Magen-Speiserohre	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	undef	undef
	Muskel-Skelett	0.0000	0.0060	0.0000	0.0000	0.0000	undef
20	Niere	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	undef	undef
	Pankreas	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	undef	undef
	Penis	0.0030	0.0000	0.0000	0.0000	undef	0.0000
	Prostata	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	undef	undef
	Uterus_Endometrium	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	undef	undef
25	Uterus_Myometrium	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	undef	undef
	Uterus_allgemein	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust-Hyperplasie	0.0000					
	Prostata-Hyperplasie	0.0000					
	Samenblase	0.0089					
30	Sinnesorgane	0.0000					
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0000					
	Zervix	0.0000					
35	FOETUS						
	%Haeufigkeit						
	Entwicklung	0.0000					
	Gastrointestinal	0.0000					
	Gehirn	0.0000					
40	Haematopoetisch	0.0000					
	Haut	0.0000					
	Hepatisch	0.0000					
	Herz-Blutgefuesse	0.0000					
	Lunge	0.0000					
45	Nebenniere	0.0000					
	Niere	0.0000					
	Placenta	0.0000					
	Prostata	0.0000					
	Sinnesorgane	0.0000					
50							
NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN							
%Haeufigkeit							
55	Brust	0.0000					
	Eierstock_n	0.0000					
	Eierstock_t	0.0000					
	Endokrines_Gewebe	0.0000					
	Foetal	0.0000					
60	Gastrointestinal	0.0000					
	Haematopoetisch	0.0000					
	Haut-Muskel	0.0000					
	Hoden	0.0000					
	Lunge	0.0000					
65	Nerven	0.0000					
	Prostata	0.0000					
	Sinnesorgane	0.0077					
	Uterus_n	0.0000					

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 67

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0390	0.0000	undef	0.0000
	Brust	0.0000	0.0000	undef	undef
	Duenndarm	0.0000	0.0000	undef	undef
	Eierstock	0.0000	0.0000	undef	undef
	Endokrines_Gewebe	0.0017	0.0000	undef	0.0000
10	Gastrointestinal	0.0000	0.0000	undef	undef
	Gehirn	0.0000	0.0000	undef	undef
	Haematopoetisch	0.0000	0.0000	undef	undef
	Haut	0.0000	0.0000	undef	undef
	Hepatisch	0.0000	0.0000	undef	undef
15	Herz	0.0000	0.0000	undef	undef
	Hoden	0.0000	0.0000	undef	undef
	Lunge	0.0000	0.0000	undef	undef
	Magen-Speiserohre	0.0000	0.0000	undef	undef
	Muskel-Skelett	0.0000	0.0000	undef	undef
20	Niere	0.0000	0.0000	undef	undef
	Pankreas	0.0000	0.0000	undef	undef
	Penis	0.0000	0.0000	undef	undef
	Prostata	0.0000	0.0000	undef	undef
	Uterus_Endometrium	0.0000	0.0000	undef	undef
25	Uterus_Myometrium	0.0000	0.0000	undef	undef
	Uterus_allgemein	0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust-Hyperplasie	0.0000			
	Prostata-Hyperplasie	0.0000			
	Samenblase	0.0000			
30	Sinnesorgane	0.0235			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0000			
	Zervix	0.0000			
35		FOETUS			
		%Haeufigkeit			
	Entwicklung	0.0000			
	Gastrointestinal	0.0000			
	Gehirn	0.0000			
40	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut	0.0000			
	Hepatisch	0.0000			
	Herz-Blutgefuesse	0.0000			
	Lunge	0.0036			
45	Nebenniere	0.0000			
	Niere	0.0000			
	Placenta	0.0000			
	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
50					
		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN			
		%Haeufigkeit			
	Brust	0.0000			
55	Eierstock_n	0.0000			
	Eierstock_t	0.0000			
	Endokrines_Gewebe	0.0245			
	Foetal	0.0000			
	Gastrointestinal	0.0000			
60	Haematopoetisch	0.0057			
	Haut-Muskel	0.0000			
	Hoden	0.0000			
	Lunge	0.0000			
	Nerven	0.0000			
65	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
	Uterus_n	0.0000			

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 69

		NORMAL %Haeufigkeit	TUMOR %Haeufigkeit	Verhaeltnisse	
				N/T	T/N
5	Blase	0.0858	0.0077	11.1866	0.0894
	Brust	0.0102	0.0075	1.3611	0.7347
	Duenn darm	0.0092	0.0000	undef	0.0000
	Eierstock	0.0060	0.0260	0.2303	4.3431
	Endokrines_Gewebe	0.0068	0.0125	0.5434	1.8403
10	Gastrointestinal	0.0038	0.0278	0.1381	7.2434
	Gehirn	0.0022	0.0144	0.1543	6.4818
	Haematopoetisch	0.0013	0.0379	0.0353	28.3379
	Haut	0.0734	0.1695	0.4332	2.3084
	Hepatisch	0.0000	0.0194	0.0000	undef
15	Herz	0.0159	0.0137	1.1565	0.8647
	Hoden	0.0000	0.0468	0.0000	undef
	Lunge	0.0073	0.0164	0.4445	2.2496
	Magen-Speiserohre	0.0000	0.0230	0.0000	undef
	Muskel-Skelett	0.0069	0.0180	0.3807	2.6265
20	Niere	0.0163	0.0000	undef	0.0000
	Pankreas	0.0066	0.0055	1.1966	0.8357
	Penis	0.0210	0.0267	0.7862	1.2719
	Prostata	0.0044	0.0021	2.0473	0.4885
	Uterus_Endometrium	0.0338	0.0000	undef	0.0000
25	Uterus_Myometrium	0.0076	0.0068	1.1223	0.8911
	Uterus_allgemein	0.0255	0.0000	undef	0.0000
	Brust-Hyperplasie	0.0128			
	Prostata-Hyperplasie	0.0119			
	Samenblase	0.0000			
30	Sinnesorgane	0.0235			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0000			
	Zervix	0.0000			
35	FOETUS				
	%Haeufigkeit				
	Entwicklung	0.0139			
	Gastrointestinal	0.0028			
	Gehirn	0.0000			
40	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut	0.0000			
	Hepatisch	0.0000			
	Herz-Blutgefuesse	0.0462			
	Lunge	0.0036			
45	Nebenniere	0.0000			
	Niere	0.0000			
	Placenta	0.0000			
	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
50	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN				
	%Haeufigkeit				
	Brust	0.0000			
55	Eierstock_n	0.0000			
	Eierstock_t	0.0051			
	Endokrines_Gewebe	0.0245			
	Foetal	0.0128			
	Gastrointestinal	0.0000			
60	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut-Muskel	0.0227			
	Hoden	0.0154			
	Lunge	0.0000			
	Nerven	0.0171			
65	Prostata	0.0068			
	Sinnesorgane	0.0155			
	Uterus_n	0.0000			

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 72

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0585	0.0077	7.6272	0.1311
	Brust	0.0192	0.0019	10.2079	0.0980
	Duenn darm	0.0123	0.0000	undef	0.0000
	Eierstock	0.0090	0.0052	1.7269	0.5791
	Endokrines Gewebe	0.0000	0.0075	0.0000	undef
10	Gastrointestinal	0.0307	0.0000	undef	0.0000
	Gehirn	0.0118	0.0062	1.9199	0.5209
	Haematopoetisch	0.0013	0.0000	undef	0.0000
	Haut	0.0184	0.0000	undef	0.0000
	Hepatisch	0.0190	0.0065	2.9412	0.3400
15	Herz	0.0244	0.0000	undef	0.0000
	Hoden	0.0058	0.0000	undef	0.0000
	Lunge	0.0010	0.0041	0.2540	3.9367
	Magen-Speiserohre	0.0000	0.0077	0.0000	undef
	Muskel-Skelett	0.0086	0.0000	undef	0.0000
20	Niere	0.0054	0.0000	undef	0.0000
	Pankreas	0.0033	0.0000	undef	0.0000
	Penis	0.0509	0.0000	undef	0.0000
	Prostata	0.0153	0.0085	1.7913	0.5582
	Uterus_Endometrium	0.0135	0.0000	undef	0.0000
25	Uterus_Myometrium	0.0152	0.0000	undef	0.0000
	Uterus_allgemein	0.0102	0.0000	undef	0.0000
	Brust-Hyperplasie	0.0320			
	Prostata-Hyperplasie	0.0238			
	Samenblase	0.0089			
30	Sinnesorgane	0.0000			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0000			
	Zervix	0.0000			
35		FOETUS			
		%Haeufigkeit			
	Entwicklung	0.0000			
	Gastrointestinal	0.0167			
	Gehirn	0.0000			
40	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut	0.0000			
	Hepatisch	0.0000			
	Herz-Blutgefuesse	0.0071			
	Lunge	0.0036			
45	Nebenniere	0.0000			
	Niere	0.0000			
	Placenta	0.0061			
	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0251			
50		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN			
		%Haeufigkeit			
	Brust	0.0204			
	Eierstock_n	0.0000			
	Eierstock_t	0.0101			
55	Endokrines_Gewebe	0.0000			
	Foetal	0.0082			
	Gastrointestinal	0.0000			
	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut-Muskel	0.0162			
60	Hoden	0.0000			
	Lunge	0.0082			
	Nerven	0.0040			
	Prostata	0.0068			
	Sinnesorgane	0.0155			
65	Uterus_n	0.0000			

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 73

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0156	0.0000	undef	0.0000
	Brust	0.0013	0.0000	undef	0.0000
	Duendarm	0.0000	0.0000	undef	undef
	Eierstock	0.0000	0.0000	undef	undef
	Endokrines_Gewebe	0.0000	0.0000	undef	undef
10	Gastrointestinal	0.0000	0.0000	undef	undef
	Gehirn	0.0007	0.0000	undef	0.0000
	Haematopoetisch	0.0000	0.0000	undef	undef
	Haut	0.0000	0.0000	undef	undef
	Hepatisch	0.0000	0.0000	undef	undef
15	Herz	0.0000	0.0000	undef	undef
	Hoden	0.0000	0.0000	undef	undef
	Lunge	0.0000	0.0000	undef	undef
	Magen-Speiserohre	0.0000	0.0000	undef	undef
	Muskel-Skelett	0.0000	0.0000	undef	undef
20	Niere	0.0000	0.0000	undef	undef
	Pankreas	0.0000	0.0000	undef	undef
	Penis	0.0030	0.0000	undef	0.0000
	Prostata	0.0000	0.0000	undef	undef
	Uterus_Endometrium	0.0000	0.0000	undef	undef
25	Uterus_Myometrium	0.0000	0.0000	undef	undef
	Uterus_allgemein	0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust-Hyperplasie	0.0000			
	Prostata-Hyperplasie	0.0000			
	Samenblase	0.0000			
30	Sinnesorgane	0.0000			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0000			
	Zervix	0.0000			
35		FOETUS			
		%Haeufigkeit			
	Entwicklung	0.0139			
	Gastrointestinal	0.0000			
	Gehirn	0.0000			
40	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut	0.0000			
	Hepatisch	0.0000			
	Herz-Blutgefuesse	0.0000			
	Lunge	0.0000			
45	Nebenniere	0.0000			
	Niere	0.0000			
	Placenta	0.0000			
	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
50					
		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN			
		%Haeufigkeit			
	Brust	0.0000			
55	Eierstock_n	0.0000			
	Eierstock_t	0.0000			
	Endokrines_Gewebe	0.0000			
	Foetal	0.0000			
	Gastrointestinal	0.0000			
60	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut-Muskel	0.0000			
	Hoden	0.0000			
	Lunge	0.0000			
	Nerven	0.0000			
65	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
	Uterus_n	0.0000			

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 75

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0156	0.0000	undef	0.0000
	Brust	0.0013	0.0000	undef	0.0000
	Duenn darm	0.0000	0.0000	undef	undef
	Eierstock	0.0000	0.0000	undef	undef
	Endokrines_Gewebe	0.0000	0.0025	0.0000	undef
10	Gastrointestinal	0.0000	0.0000	undef	undef
	Gehirn	0.0000	0.0000	undef	undef
	Haematopoetisch	0.0000	0.0000	undef	undef
	Haut	0.0000	0.0000	undef	undef
	Hepatisch	0.0000	0.0000	undef	undef
15	Herz	0.0011	0.0000	undef	0.0000
	Hoden	0.0000	0.0000	undef	undef
	Lunge	0.0010	0.0000	undef	0.0000
	Magen-Speiserohre	0.0000	0.0000	undef	undef
	Muskel-Skelett	0.0000	0.0000	undef	undef
20	Niere	0.0000	0.0000	undef	undef
	Pankreas	0.0000	0.0000	undef	undef
	Penis	0.0000	0.0000	undef	undef
	Prostata	0.0000	0.0000	undef	undef
	Uterus_Endometrium	0.0068	0.0000	undef	0.0000
25	Uterus_Myometrium	0.0000	0.0000	undef	undef
	Uterus_allgemein	0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust-Hyperplasie	0.0000			
	Prostata-Hyperplasie	0.0000			
	Samenblase	0.0000			
30	Sinnesorgane	0.0000			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0009			
	Zervix	0.0000			
35		FOETUS			
		%Haeufigkeit			
	Entwicklung	0.0000			
	Gastrointestinal	0.0000			
	Gehirn	0.0000			
40	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut	0.0000			
	Hepatisch	0.0000			
	Herz-Blutgefuesse	0.0000			
	Lunge	0.0000			
45	Nebenniere	0.0000			
	Niere	0.0000			
	Placenta	0.0000			
	Prostata	0.0000			
50	Sinnesorgane	0.0000			
		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN			
		%Haeufigkeit			
	Brust	0.0000			
55	Eierstock_n	0.0000			
	Eierstock_t	0.0000			
	Endokrines_Gewebe	0.0000			
	Foetal	0.0012			
	Gastrointestinal	0.0000			
60	Haematopoetisch	0.0057			
	Haut-Muskel	0.0000			
	Hoden	0.0000			
	Lunge	0.0000			
	Nerven	0.0000			
65	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
	Uterus_n	0.0000			

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 77

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0351	0.0051	6.8645	0.1457
	Brust	0.0026	0.0019	1.3611	0.7347
	Duennndarm	0.0061	0.0000	undef	0.0000
	Eierstock	0.0000	0.0104	0.0000	undef
	Endokrines_Gewebe	0.0034	0.0000	undef	0.0000
10	Gastrointestinal	0.0019	0.0093	0.2071	4.8289
	Gehirn	0.0067	0.0010	6.4796	0.1543
	Haematopoetisch	0.0013	0.0000	undef	0.0000
	Haut	0.0000	0.0000	undef	undef
	Hepatisch	0.0095	0.0000	undef	0.0000
15	Herz	0.0117	0.0000	undef	0.0000
	Hoden	0.0058	0.0000	undef	0.0000
	Lunge	0.0010	0.0041	0.2540	3.9367
	Magen-Speiserohre	0.0097	0.0077	1.2605	0.7933
	Muskel-Skelett	0.0017	0.0000	undef	0.0000
20	Niere	0.0054	0.0137	0.3965	2.5219
	Pankreas	0.0017	0.0000	undef	0.0000
	Penis	0.0060	0.0000	undef	0.0000
	Prostata	0.0000	0.0000	undef	undef
	Uterus_Endometrium	0.0000	0.0000	undef	undef
25	Uterus_Myometrium	0.0229	0.0000	undef	0.0000
	Uterus_allgemein	0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust-Hyperplasie	0.0032			
	Prostata-Hyperplasie	0.0030			
	Samenblase	0.0000			
30	Sinnesorgane	0.0000			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0035			
	Zervix	0.0000			
35		FOETUS			
		%Haeufigkeit			
	Entwicklung	0.0000			
	Gastrointestinal	0.0056			
	Gehirn	0.0000			
40	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut	0.0000			
	Hepatisch	0.0000			
	Herz-Blutgefuesse	0.0000			
	Lunge	0.0072			
45	Nebenniere	0.0000			
	Niere	0.0000			
	Placenta	0.0000			
	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
50		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN			
		%Haeufigkeit			
	Brust	0.0000			
55	Eierstock_n	0.0000			
	Eierstock_t	0.0101			
	Endokrines_Gewebe	0.0000			
	Foetal	0.0087			
	Gastrointestinal	0.0000			
60	Haematopoetisch	0.0057			
	Haut-Muskel	0.0130			
	Hoden	0.0000			
	Lunge	0.0000			
	Nerven	0.0090			
65	Prostata	0.0068			
	Sinnesorgane	0.0000			
	Uterus_n	0.0458			

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 78

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0156	0.0000	undef	0.0000
	Brust	0.0000	0.0000	undef	undef
	Duenn darm	0.0000	0.0000	undef	undef
	Eierstock	0.0000	0.0000	undef	undef
	Endokrines_Gewebe	0.0000	0.0000	undef	undef
10	Gastrointestinal	0.0000	0.0093	0.0000	undef
	Gehirn	0.0000	0.0000	undef	undef
	Haematopoetisch	0.0013	0.0000	undef	0.0000
	Haut	0.0000	0.0000	undef	undef
	Hepatisch	0.0000	0.0000	undef	undef
15	Herz	0.0011	0.0412	0.0257	38.9118
	Hoden	0.0000	0.0000	undef	undef
	Lunge	0.0000	0.0020	0.0000	undef
	Magen-Speiserohre	0.0000	0.0000	undef	undef
	Muskel-Skelett	0.0000	0.0000	undef	undef
20	Niere	0.0000	0.0000	undef	undef
	Pankreas	0.0000	0.0000	undef	undef
	Penis	0.0000	0.0000	undef	undef
	Prostata	0.0000	0.0000	undef	undef
	Uterus_Endometrium	0.0000	0.0000	undef	undef
25	Uterus_Myometrium	0.0000	0.0000	undef	undef
	Uterus_allgemein	0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust-Hyperplasie	0.0000			
	Prostata-Hyperplasie	0.0000			
	Samenblase	0.0000			
30	Sinnesorgane	0.0000			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0000			
	Zervix	0.0000			
35		FOETUS			
		%Haeufigkeit			
	Entwicklung	0.0278			
	Gastrointestinal	0.0000			
	Gehirn	0.0000			
40	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut	0.0000			
	Hepatisch	0.0000			
	Herz-Blutgefuesse	0.0000			
	Lunge	0.0000			
45	Nebenniere	0.0000			
	Niere	0.0000			
	Placenta	0.0000			
	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
50		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN			
		%Haeufigkeit			
	Brust	0.0000			
55	Eierstock_n	0.0000			
	Eierstock_t	0.0000			
	Endokrines_Gewebe	0.0000			
	Foetal	0.0000			
	Gastrointestinal	0.0000			
60	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut-Muskel	0.0000			
	Hoden	0.0000			
	Lunge	0.0000			
	Nerven	0.0000			
65	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
	Uterus_n	0.0000			

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 79

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0351	0.0000	undef	0.0000
	Brust	0.0000	0.0000	undef	undef
	Duenn darm	0.0000	0.0000	undef	undef
	Eierstock	0.0000	0.0000	undef	undef
	Endokrines Gewebe	0.0000	0.0000	undef	undef
10	Gastrointestinal	0.0000	0.0000	undef	undef
	Gehirn	0.0000	0.0000	undef	undef
	Haematopoetisch	0.0000	0.0000	undef	undef
	Haut	0.0037	0.0000	undef	0.0000
	Hepatisch	0.0000	0.0000	undef	undef
15	Herz	0.0000	0.0000	undef	undef
	Hoden	0.0000	0.0000	undef	undef
	Lunge	0.0000	0.0000	undef	undef
	Magen-Speiserohre	0.0000	0.0000	undef	undef
	Muskel-Skelett	0.0000	0.0000	undef	undef
20	Niere	0.0000	0.0000	undef	undef
	Pankreas	0.0000	0.0000	undef	undef
	Penis	0.0000	0.0000	undef	undef
	Prostata	0.0000	0.0000	undef	undef
	Uterus Endometrium	0.0000	0.0000	undef	undef
25	Uterus_Myometrium	0.0000	0.0000	undef	undef
	Uterus_allgemein	0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust-Hyperplasie	0.0000			
	Prostata-Hyperplasie	0.0000			
	Samenblase	0.0000			
30	Sinnesorgane	0.0000			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0000			
	Zervix	0.0000			
35		FOETUS			
		%Haeufigkeit			
	Entwicklung	0.0000			
	Gastrointestinal	0.0000			
	Gehirn	0.0000			
40	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut	0.0000			
	Hepatisch	0.0000			
	Herz-Blutgefuesse	0.0000			
	Lunge	0.0000			
45	Nebenniere	0.0000			
	Niere	0.0000			
	Placenta	0.0000			
	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
50					
		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN			
		%Haeufigkeit			
	Brust	0.0000			
55	Eierstock_n	0.0000			
	Eierstock_t	0.0000			
	Endokrines_Gewebe	0.0000			
	Foetal	0.0000			
	Gastrointestinal	0.0000			
60	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut-Muskel	0.0000			
	Hoden	0.0000			
	Lunge	0.0000			
	Nerven	0.0000			
65	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
	Uterus_n	0.0000			

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 80

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0624	0.0102	6.1018	0.1639
	Brust	0.0141	0.0056	2.4953	0.4008
	Duenn darm	0.0215	0.0000	undef	0.0000
	Eierstock	0.0150	0.0078	1.9188	0.5212
	Endokrines Gewebe	0.0187	0.0050	3.7359	0.2677
10	Gastrointestinal	0.0307	0.0139	2.2089	0.4527
	Gehirn	0.0214	0.0082	2.6099	0.3832
	Haematopoetisch	0.0053	0.0000	undef	0.0000
	Haut	0.0147	0.0000	undef	0.0000
	Hepatisch	0.0190	0.0065	2.9412	0.3400
15	Herz	0.0360	0.0137	2.6213	0.3815
	Hoden	0.0000	0.0000	undef	undef
	Lunge	0.0083	0.0041	2.0321	0.4921
	Magen-Speiserohre	0.0097	0.0000	undef	0.0000
	Muskel-Skelett	0.0171	0.0060	2.8555	0.3502
20	Niere	0.0136	0.0548	0.2478	4.0351
	Pankreas	0.0083	0.0387	0.2137	4.6800
	Penis	0.0150	0.0000	undef	0.0000
	Prostata	0.0087	0.0064	1.3648	0.7327
	Uterus_Endometrium	0.0000	0.0000	undef	undef
25	Uterus_Myometrium	0.0000	0.0000	undef	undef
	Uterus_allgemein	0.0255	0.0000	undef	0.0000
	Brust-Hyperplasie	0.0288			
	Prostata-Hyperplasie	0.0119			
	Samenblase	0.1246			
30	Sinnesorgane	0.0000			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0017			
	Zervix	0.0000			
35		FOETUS			
		%Haeufigkeit			
	Entwicklung	0.0000			
	Gastrointestinal	0.0028			
	Gehirn	0.0000			
40	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut	0.0000			
	Hepatisch	0.0000			
	Herz-Blutgefuesse	0.0036			
	Lunge	0.0108			
45	Nebenniere	0.0000			
	Niere	0.0000			
	Placenta	0.0000			
	Prostata	0.0000			
50	Sinnesorgane	0.0000			
		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN			
		%Haeufigkeit			
	Brust	0.0136			
55	Eierstock_n	0.0000			
	Eierstock_t	0.0000			
	Endokrines_Gewebe	0.0000			
	Foetal	0.0012			
	Gastrointestinal	0.0122			
60	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut-Muskel	0.0000			
	Hoden	0.0077			
	Lunge	0.0082			
	Nerven	0.0010			
65	Prostata	0.0205			
	Sinnesorgane	0.0000			
	Uterus_n	0.0083			

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 82

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0390	0.0000	undef	0.0000
	Brust	0.0000	0.0000	undef	undef
	Duenn darm	0.0000	0.0000	undef	undef
	Eierstock	0.0000	0.0000	undef	undef
	Endokrines Gewebe	0.0017	0.0000	undef	0.0000
10	Gastrointestinal	0.0000	0.0000	undef	undef
	Gehirn	0.0000	0.0000	undef	undef
	Haematopoetisch	0.0000	0.0000	undef	undef
	Haut	0.0037	0.0000	undef	0.0000
	Hepatisch	0.0000	0.0000	undef	undef
15	Herz	0.0011	0.0000	undef	0.0000
	Hoden	0.0000	0.0000	undef	undef
	Lunge	0.0000	0.0000	undef	undef
	Magen-Speiserohre	0.0000	0.0000	undef	undef
	Muskel-Skelett	0.0000	0.0000	undef	undef
20	Niere	0.0000	0.0000	undef	undef
	Pankreas	0.0000	0.0000	undef	undef
	Penis	0.0000	0.0000	undef	undef
	Prostata	0.0000	0.0000	undef	undef
	Uterus_Endometrium	0.0000	0.0000	undef	undef
25	Uterus_Myometrium	0.0000	0.0000	undef	undef
	Uterus_allgemein	0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust-Hyperplasie	0.0000			
	Prostata-Hyperplasie	0.0000			
	Samenblase	0.0000			
30	Sinnesorgane	0.0000			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0000			
	Zervix	0.0000			
35		FOETUS			
		%Haeufigkeit			
	Entwicklung	0.0000			
	Gastrointestinal	0.0000			
	Gehirn	0.0000			
40	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut	0.0000			
	Hepatisch	0.0000			
	Herz-Blutgefuesse	0.0000			
	Lunge	0.0000			
45	Nebenniere	0.0000			
	Niere	0.0000			
	Placenta	0.0000			
	Prostata	0.0000			
50	Sinnesorgane	0.0000			
		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN			
		%Haeufigkeit			
	Brust	0.0000			
55	Eierstock_n	0.0000			
	Eierstock_t	0.0000			
	Endokrines Gewebe	0.0000			
	Foetal	0.0000			
	Gastrointestinal	0.0000			
60	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut-Muskel	0.0000			
	Hoden	0.0000			
	Lunge	0.0000			
	Nerven	0.0000			
65	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
	Uterus_n	0.0000			

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 83

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0273	0.0026	10.6781	0.0936
	Brust	0.0013	0.0000	undef	0.0000
	Duenndarm	0.0061	0.0000	undef	0.0000
	Eierstock	0.0000	0.0000	undef	undef
	Endokrines_Gewebe	0.0017	0.0025	0.6792	1.4722
10	Gastrointestinal	0.0000	0.0000	undef	undef
	Gehirn	0.0229	0.0031	7.4396	0.1344
	Haematopoetisch	0.0013	0.0000	undef	0.0000
	Haut	0.0000	0.0000	undef	undef
	Hepatisch	0.0000	0.0000	undef	undef
15	Herz	0.0011	0.0000	undef	0.0000
	Hoden	0.0000	0.0000	undef	undef
	Lunge	0.0052	0.0000	undef	0.0000
	Magen-Speiserohre	0.0000	0.0000	undef	undef
	Muskel-Skelett	0.0017	0.0000	undef	0.0000
20	Niere	0.0000	0.0000	undef	undef
	Pankreas	0.0050	0.0000	undef	0.0000
	Penis	0.0000	0.0000	undef	undef
	Prostata	0.0044	0.0021	2.0473	0.4885
	Uterus_Endometrium	0.0000	0.0000	undef	undef
25	Uterus_Myometrium	0.0000	0.0000	undef	undef
	Uterus_allgemein	0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust-Hyperplasie	0.0000			
	Prostata-Hyperplasie	0.0000			
	Samenblase	0.0000			
30	Sinnesorgane	0.0000			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0000			
	Zervix	0.0000			
35	FOETUS				
	%Haeufigkeit				
	Entwicklung	0.0000			
	Gastrointestinal	0.0028			
	Gehirn	0.0000			
40	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut	0.0000			
	Hepatisch	0.0000			
	Herz-Blutgefuesse	0.0000			
	Lunge	0.0000			
45	Nebenniere	0.0000			
	Niere	0.0000			
	Placenta	0.0061			
	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
50	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN				
	%Haeufigkeit				
	Brust	0.0068			
55	Eierstock_n	0.0000			
	Eierstock_t	0.0253			
	Endokrines_Gewebe	0.0000			
	Foetal	0.0006			
	Gastrointestinal	0.0000			
60	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut-Muskel	0.0000			
	Hoden	0.0000			
	Lunge	0.0000			
	Nerven	0.0201			
65	Prostata	0.0068			
	Sinnesorgane	0.0310			
	Uterus_n	0.0000			

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 85

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0156	0.0000	undef	0.0000
	Brust	0.0000	0.0000	undef	undef
	Duenn darm	0.0000	0.0000	undef	undef
	Eierstock	0.0000	0.0000	undef	undef
	Endokrines Gewebe	0.0000	0.0000	undef	undef
10	Gastrointestinal	0.0000	0.0000	undef	undef
	Gehirn	0.0000	0.0000	undef	undef
	Haematopoetisch	0.0000	0.0000	undef	undef
	Haut	0.0000	0.0000	undef	undef
	Hepatisch	0.0000	0.0000	undef	undef
15	Herz	0.0000	0.0000	undef	undef
	Hoden	0.0000	0.0000	undef	undef
	Lunge	0.0000	0.0000	undef	undef
	Magen-Speiserohre	0.0000	0.0000	undef	undef
	Muskel-Skelett	0.0000	0.0000	undef	undef
20	Niere	0.0000	0.0000	undef	undef
	Pankreas	0.0000	0.0000	undef	undef
	Penis	0.0000	0.0000	undef	undef
	Prostata	0.0000	0.0000	undef	undef
	Uterus_Endometrium	0.0000	0.0000	undef	undef
25	Uterus_Myometrium	0.0000	0.0000	undef	undef
	Uterus_allgemein	0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust-Hyperplasie	0.0000			
	Prostata-Hyperplasie	0.0000			
	Samenblase	0.0000			
30	Sinnesorgane	0.0000			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0000			
	Zervix	0.0000			
35		FOETUS			
		%Haeufigkeit			
	Entwicklung	0.0000			
	Gastrointestinal	0.0000			
	Gehirn	0.0000			
40	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut	0.0000			
	Hepatisch	0.0000			
	Herz-Blutgefuesse	0.0000			
	Lunge	0.0000			
45	Nebenniere	0.0000			
	Niere	0.0000			
	Placenta	0.0000			
	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
50					
		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN			
		%Haeufigkeit			
	Brust	0.0000			
55	Eierstock_n	0.0000			
	Eierstock_t	0.0000			
	Endokrines_Gewebe	0.0000			
	Foetal	0.0000			
	Gastrointestinal	0.0000			
60	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut-Muskel	0.0000			
	Hoden	0.0000			
	Lunge	0.0000			
	Nerven	0.0000			
65	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
	Uterus_n	0.0000			

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 86

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0273	0.0051	5.3391	0.1873
	Brust	0.0000	0.0000	undef	undef
	Duennndarm	0.0031	0.0000	undef	0.0000
	Eierstock	0.0000	0.0000	undef	undef
	Endokrines_Gewebe	0.0017	0.0000	undef	0.0000
10	Gastrointestinal	0.0019	0.0000	undef	0.0000
	Gehirn	0.0000	0.0010	0.0000	undef
	Haematopoetisch	0.0000	0.0000	undef	undef
	Haut	0.0037	0.0000	undef	0.0000
	Hepatisch	0.0000	0.0000	undef	undef
15	Herz	0.0011	0.0000	undef	0.0000
	Hoden	0.0000	0.0000	undef	undef
	Lunge	0.0021	0.0041	0.5080	1.9684
	Magen-Speiserohre	0.0000	0.0000	undef	undef
	Muskel-Skelett	0.0000	0.0060	0.0000	undef
20	Niere	0.0000	0.0000	undef	undef
	Pankreas	0.0000	0.0000	undef	undef
	Penis	0.0030	0.0000	undef	0.0000
	Prostata	0.0044	0.0000	undef	0.0000
	Uterus_Endometrium	0.0000	0.0000	undef	undef
25	Uterus_Myometrium	0.0000	0.0000	undef	undef
	Uterus_allgemein	0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust-Hyperplasie	0.0000			
	Prostata-Hyperplasie	0.0000			
	Samenblase	0.0000			
30	Sinnesorgane	0.0000			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0009			
	Zervix	0.0000			
35		FOETUS			
		%Haeufigkeit			
	Entwicklung	0.0139			
	Gastrointestinal	0.0000			
	Gehirn	0.0000			
40	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut	0.0000			
	Hepatisch	0.0000			
	Herz-Blutgefuesse	0.0000			
	Lunge	0.0036			
45	Nebenniere	0.0000			
	Niere	0.0000			
	Placenta	0.0000			
	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
50					
		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN			
		%Haeufigkeit			
	Brust	0.0000			
55	Eierstock_n	0.0000			
	Eierstock_t	0.0000			
	Endokrines_Gewebe	0.0000			
	Foetal	0.0012			
	Gastrointestinal	0.0000			
60	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut-Muskel	0.0000			
	Hoden	0.0000			
	Lunge	0.0000			
	Nerven	0.0000			
65	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
	Uterus_n	0.0000			

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO:88

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0156	0.0000	undef	0.0000
	Brust	0.0000	0.0000	undef	undef
	Duennndarm	0.0000	0.0000	undef	undef
	Eierstock	0.0030	0.0000	undef	0.0000
	Endokrines_Gewebe	0.0051	0.0000	undef	0.0000
10	Gastrointestinal	0.0000	0.0000	undef	undef
	Gehirn	0.0007	0.0000	undef	0.0000
	Haematopoetisch	0.0000	0.0000	undef	undef
	Haut	0.0000	0.0000	undef	undef
	Hepatisch	0.0000	0.0000	undef	undef
15	Herz	0.0011	0.0000	undef	0.0000
	Hoden	0.0000	0.0000	undef	undef
	Lunge	0.0021	0.0020	1.0161	0.9842
	Magen-Speiserohre	0.0000	0.0000	undef	undef
	Muskel-Skelett	0.0000	0.0000	undef	undef
20	Niere	0.0000	0.0000	undef	undef
	Pankreas	0.0000	0.0000	undef	undef
	Penis	0.0000	0.0000	undef	undef
	Prostata	0.0022	0.0043	0.5118	1.9538
	Uterus_Endometrium	0.0000	0.0000	undef	undef
25	Uterus_Myometrium	0.0000	0.0000	undef	undef
	Uterus_allgemein	0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust-Hyperplasie	0.0000			
	Prostata-Hyperplasie	0.0000			
	Samenblase	0.0000			
30	Sinnesorgane	0.0000			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0009			
	Zervix	0.0000			
35	FOETUS				
	%Haeufigkeit				
	Entwicklung	0.0000			
	Gastrointestinal	0.0028			
	Gehirn	0.0000			
40	Haematopoetisch	0.0039			
	Haut	0.0000			
	Hepatisch	0.0000			
	Herz-Blutgefuesse	0.0000			
	Lunge	0.0000			
45	Nebenniere	0.0000			
	Niere	0.0062			
	Placenta	0.0000			
	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
50	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN				
	%Haeufigkeit				
	Brust	0.0068			
55	Eierstock_n	0.0000			
	Eierstock_t	0.0051			
	Endokrines_Gewebe	0.0000			
	Foetal	0.0052			
	Gastrointestinal	0.0122			
60	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut-Muskel	0.0000			
	Hoden	0.0386			
	Lunge	0.0000			
	Nerven	0.0000			
65	Prostata	0.0068			
	Sinnesorgane	0.0000			
	Uterus_n	0.0208			

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 90

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0312	0.0000	undef	0.0000
	Brust	0.0000	0.0000	undef	undef
	Duenn darm	0.0000	0.0000	undef	undef
	Eierstock	0.0000	0.0000	undef	undef
	Endokrines Gewebe	0.0000	0.0000	undef	undef
10	Gastrointestinal	0.0000	0.0000	undef	undef
	Gehirn	0.0015	0.0010	1.4399	0.6945
	Haematopoetisch	0.0000	0.0000	undef	undef
	Haut	0.0000	0.0000	undef	undef
	Hepatisch	0.0000	0.0065	0.0000	undef
15	Herz	0.0000	0.0000	undef	undef
	Hoden	0.0000	0.0000	undef	undef
	Lunge	0.0000	0.0000	undef	undef
	Magen-Speiserohre	0.0000	0.0000	undef	undef
	Muskel-Skelett	0.0000	0.0000	undef	undef
20	Niere	0.0000	0.0000	undef	undef
	Pankreas	0.0000	0.0000	undef	undef
	Penis	0.0000	0.0000	undef	undef
	Prostata	0.0000	0.0000	undef	undef
	Uterus_Endometrium	0.0000	0.0000	undef	undef
25	Uterus_Myometrium	0.0000	0.0000	undef	undef
	Uterus_allgemein	0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust-Hyperplasie	0.0000			
	Prostata-Hyperplasie	0.0000			
	Samenblase	0.0000			
30	Sinnesorgane	0.0000			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0000			
	Zervix	0.0000			
35		FOETUS			
		%Haeufigkeit			
	Entwicklung	0.0000			
	Gastrointestinal	0.0000			
	Gehirn	0.0000			
40	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut	0.0000			
	Hepatisch	0.0000			
	Herz-Blutgefuesse	0.0000			
	Lunge	0.0000			
45	Nebenniere	0.0000			
	Niere	0.0000			
	Placenta	0.0000			
	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
50					
		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN			
		%Haeufigkeit			
	Brust	0.0000			
55	Eierstock_n	0.0000			
	Eierstock_t	0.0000			
	Endokrines_Gewebe	0.0000			
	Foetal	0.0006			
	Gastrointestinal	0.0000			
60	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut-Muskel	0.0000			
	Hoden	0.0000			
	Lunge	0.0000			
	Nerven	0.0010			
65	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
	Uterus_n	0.0000			

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 92

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0312	0.0051	6.1018	0.1639
	Brust	0.0102	0.0113	0.9074	1.1021
	Duennndarm	0.0031	0.0000	undef	0.0000
	Eierstock	0.0030	0.0000	undef	0.0000
	Endokrines_Gewebe	0.0051	0.0125	0.4075	2.4537
10	Gastrointestinal	0.0077	0.0000	undef	0.0000
	Gehirn	0.0067	0.0329	0.2025	4.9386
	Haematopoetisch	0.0080	0.0000	undef	0.0000
	Haut	0.0330	0.0000	undef	0.0000
	Hepatisch	0.0333	0.0323	1.0294	0.9714
15	Herz	0.0127	0.0137	0.9252	1.0809
	Hoden	0.0058	0.0000	undef	0.0000
	Lunge	0.0156	0.0082	1.9051	0.5249
	Magen-Speiserohre	0.0000	0.0000	undef	undef
	Muskel-Skelett	0.0051	0.0120	0.4283	2.3347
20	Niere	0.0027	0.0205	0.1322	7.5658
	Pankreas	0.0050	0.0110	0.4487	2.2286
	Penis	0.0060	0.0267	0.2246	4.4517
	Prostata	0.0131	0.0128	1.0236	0.9769
	Uterus_Endometrium	0.0000	0.0000	undef	undef
25	Uterus_Myometrium	0.0000	0.0000	undef	undef
	Uterus_allgemein	0.0102	0.0000	undef	0.0000
	Brust-Hyperplasie	0.0128			
	Prostata-Hyperplasie	0.0208			
	Samenblase	0.0089			
30	Sinnesorgane	0.0118			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0147			
	Zervix	0.0000			
35		FOETUS			
		%Haeufigkeit			
	Entwicklung	0.0000			
	Gastrointestinal	0.0056			
	Gehirn	0.0000			
40	Haematopoetisch	0.0079			
	Haut	0.0000			
	Hepatisch	0.0000			
	Herz-Blutgefuesse	0.0036			
	Lunge	0.0072			
45	Nebenniere	0.0000			
	Niere	0.0000			
	Placenta	0.0545			
	Prostata	0.0000			
50	Sinnesorgane	0.0000			
		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN			
		%Haeufigkeit			
	Brust	0.0340			
55	Eierstock_n	0.0000			
	Eierstock_t	0.0608			
	Endokrines_Gewebe	0.0000			
	Foetal	0.0198			
	Gastrointestinal	0.0000			
60	Haematopoetisch	0.0171			
	Haut-Muskel	0.0032			
	Hoden	0.0000			
	Lunge	0.0000			
	Nerven	0.0020			
65	Prostata	0.0068			
	Sinnesorgane	0.0697			
	Uterus_n	0.0000			

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 93

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0234	0.0000	undef	0.0000
	Brust	0.0166	0.0226	0.7372	1.3564
	Duendarm	0.0000	0.0165	0.0000	undef
	Eierstock	0.0270	0.0000	undef	0.0000
	Endokrines_Gewebe	0.0238	0.0276	0.8645	1.1567
10	Gastrointestinal	0.0115	0.0093	1.2425	0.8048
	Gehirn	0.0089	0.0072	1.2342	0.8102
	Haematopoetisch	0.0027	0.0000	undef	0.0000
	Haut	0.0220	0.0000	undef	0.0000
	Hepatisch	0.0143	0.0518	0.2757	3.6266
15	Herz	0.0148	0.0000	undef	0.0000
	Hoden	0.0230	0.0117	1.9679	0.5082
	Lunge	0.0218	0.0266	0.8207	1.2185
	Magen-Speiserohre	0.0000	0.0000	undef	undef
	Muskel-Skelett	0.0120	0.0120	0.9994	1.0006
20	Niere	0.0081	0.0137	0.5948	1.6813
	Pankreas	0.0149	0.0221	0.6731	1.4857
	Penis	0.0180	0.0000	undef	0.0000
	Prostata	0.0240	0.0213	1.1260	0.8881
	Uterus_Endometrium	0.0068	0.0000	undef	0.0000
25	Uterus_Myometrium	0.0229	0.0340	0.6734	1.4851
	Uterus_allgemein	0.0204	0.0000	undef	0.0000
	Brust-Hyperplasie	0.0224			
	Prostata-Hyperplasie	0.0208			
	Samenblase	0.0445			
30	Sinnesorgane	0.0235			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0009			
	Zervix	0.0213			
35		FOETUS			
		%Haeufigkeit			
	Entwicklung	0.0000			
	Gastrointestinal	0.0167			
	Gehirn	0.0000			
40	Haematopoetisch	0.0079			
	Haut	0.0000			
	Hepatisch	0.0000			
	Herz-Blutgefuesse	0.0000			
	Lunge	0.0108			
45	Nebenniere	0.0000			
	Niere	0.0000			
	Placenta	0.0061			
	Prostata	0.0000			
50	Sinnesorgane	0.0000			
		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN			
		%Haeufigkeit			
	Brust	0.0000			
55	Eierstock_n	0.0000			
	Eierstock_t	0.0000			
	Endokrines_Gewebe	0.0245			
	Foetal	0.0099			
	Gastrointestinal	0.0000			
60	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut-Muskel	0.0065			
	Hoden	0.0154			
	Lunge	0.0000			
	Nerven	0.0020			
65	Prostata	0.0068			
	Sinnesorgane	0.0000			
	Uterus_n	0.0042			

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO:94

		NORMAL %Haeufigkeit	TUMOR %Haeufigkeit	Verhaeltnisse	
				N/T	T/N
5	Blase	0.0195	0.0026	7.6272	0.1311
	Brust	0.0051	0.0094	0.5444	1.8368
	Duennndarm	0.0092	0.0165	0.5561	1.7982
	Eierstock	0.0000	0.0052	0.0000	undef
10	Endokrines_Gewebe	0.0119	0.0150	0.7925	1.2619
	Gastrointestinal	0.0019	0.0000	undef	0.0000
	Gehirn	0.0030	0.0103	0.2880	3.4724
	Haematopoetisch	0.0067	0.0000	undef	0.0000
15	Haut	0.0073	0.0000	undef	0.0000
	Hepatisch	0.0000	0.0000	undef	undef
	Herz	0.0032	0.0000	undef	0.0000
	Hoden	0.0058	0.0000	undef	0.0000
20	Lunge	0.0052	0.0020	2.5402	0.3937
	Magen-Speiserohre	0.0000	0.0153	0.0000	undef
	Muskel-Skelett	0.0017	0.0120	0.1428	7.0040
	Niere	0.0081	0.0000	undef	0.0000
25	Pankreas	0.0050	0.0055	0.8974	1.1143
	Penis	0.0030	0.0000	undef	0.0000
	Prostata	0.0022	0.0043	0.5118	1.9538
	Uterus_Endometrium	0.0000	0.0000	undef	undef
30	Uterus_Myometrium	0.0381	0.0068	5.6113	0.1782
	Uterus_allgemein	0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust-Hyperplasie	0.0096			
	Prostata-Hyperplasie	0.0089			
35	Samenblase	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0095			
	Zervix	0.0106			
40	FOETUS				
		%Haeufigkeit			
	Entwicklung	0.0000			
	Gastrointestinal	0.0028			
45	Gehirn	0.0000			
	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut	0.2513			
	Hepatisch	0.0000			
50	Herz-Blutgefuesse	0.0000			
	Lunge	0.0036			
	Nebenniere	0.0000			
	Niere	0.0185			
55	Placenta	0.0061			
	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
60	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN				
		%Haeufigkeit			
	Brust	0.0204			
	Eierstock_n	0.0000			
65	Eierstock_t	0.0709			
	Endokrines_Gewebe	0.0000			
	Foetal	0.0070			
	Gastrointestinal	0.0000			
70	Haematopoetisch	0.0228			
	Haut-Muskel	0.0194			
	Hoden	0.0000			
	Lunge	0.0000			
75	Nerven	0.0010			
	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
	Uterus_n	0.0250			

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 95

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0351	0.0026	13.7290	0.0728
	Brust	0.0026	0.0094	0.2722	3.6736
	Duennndarm	0.0031	0.0000	undef	0.0000
	Eierstock	0.0000	0.0026	0.0000	undef
	Endokrines_Gewebe	0.0000	0.0075	0.0000	undef
10	Gastrointestinal	0.0000	0.0093	0.0000	undef
	Gehirn	0.0037	0.0051	0.7200	1.3890
	Haematopoetisch	0.0027	0.0000	undef	0.0000
	Haut	0.0073	0.0000	undef	0.0000
	Hepatisch	0.0190	0.0129	1.4706	0.6800
15	Herz	0.0064	0.0000	undef	0.0000
	Hoden	0.0058	0.0117	0.4920	2.0326
	Lunge	0.0021	0.0061	0.3387	2.9526
	Magen-Speiserohre	0.0000	0.0077	0.0000	undef
	Muskel-Skelett	0.0000	0.0060	0.0000	undef
20	Niere	0.0081	0.0068	1.1896	0.8406
	Pankreas	0.0050	0.0166	0.2991	3.3428
	Penis	0.0060	0.0000	undef	0.0000
	Prostata	0.0044	0.0106	0.4095	2.4423
	Uterus_Endometrium	0.0000	0.0000	undef	undef
25	Uterus_Myometrium	0.0000	0.0068	0.0000	undef
	Uterus_allgemein	0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust-Hyperplasie	0.0000			
	Prostata-Hyperplasie	0.0000			
	Samenblase	0.0000			
30	Sinnesorgane	0.0000			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0061			
	Zervix	0.0000			
35		FOETUS			
		%Haeufigkeit			
	Entwicklung	0.0000			
	Gastrointestinal	0.0028			
	Gehirn	0.0063			
40	Haematopoetisch	0.0079			
	Haut	0.0000			
	Hepatisch	0.0000			
	Herz-Blutgefuesse	0.0036			
	Lunge	0.0000			
45	Nebenniere	0.0000			
	Niere	0.0062			
	Placenta	0.0000			
	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0251			
50					
		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN			
		%Haeufigkeit			
	Brust	0.0000			
55	Eierstock_n	0.0000			
	Eierstock_t	0.0000			
	Endokrines_Gewebe	0.0000			
	Foetal	0.0116			
	Gastrointestinal	0.0000			
60	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut-Muskel	0.0194			
	Hoden	0.0000			
	Lunge	0.0082			
	Nerven	0.0010			
65	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0155			
	Uterus_n	0.0208			

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO:96

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0195	0.0000	undef	0.0000
	Brust	0.0090	0.0094	0.9527	1.0496
	Duenndarm	0.0000	0.0000	undef	undef
	Eierstock	0.0000	0.0000	undef	undef
	Endokrines_Gewebe	0.0153	0.0176	0.8733	1.1451
10	Gastrointestinal	0.0096	0.0185	0.5177	1.9316
	Gehirn	0.0081	0.0031	2.6399	0.3788
	Haematopoetisch	0.0013	0.0000	undef	0.0000
	Haut	0.0000	0.0000	undef	undef
	Hepatisch	0.0095	0.0000	undef	0.0000
15	Herz	0.0011	0.0000	undef	0.0000
	Hoden	0.0000	0.0000	undef	undef
	Lunge	0.0052	0.0020	2.5402	0.3937
	Magen-Speiserohre	0.0000	0.0000	undef	undef
	Muskel-Skelett	0.0017	0.0000	undef	0.0000
20	Niere	0.0054	0.0000	undef	0.0000
	Pankreas	0.0050	0.0055	0.8974	1.1143
	Penis	0.0180	0.0000	undef	0.0000
	Prostata	0.0022	0.0064	0.3412	2.9308
	Uterus_Endometrium	0.0135	0.0528	0.2561	3.9053
25	Uterus_Myometrium	0.0076	0.0136	0.5611	1.7821
	Uterus_allgemein	0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust-Hyperplasie	0.0000			
	Prostata-Hyperplasie	0.0000			
	Samenblase	0.0089			
30	Sinnesorgane	0.0000			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0000			
	Zervix	0.0000			
35		FOETUS			
		%Haeufigkeit			
	Entwicklung	0.0139			
	Gastrointestinal	0.0083			
	Gehirn	0.0000			
40	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut	0.0000			
	Hepatisch	0.0000			
	Herz-Blutgefuesse	0.0071			
	Lunge	0.0072			
45	Nebenniere	0.0000			
	Niere	0.0062			
	Placenta	0.0061			
	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0251			
50					
		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN			
		%Haeufigkeit			
	Brust	0.0000			
55	Eierstock_n	0.0000			
	Eierstock_t	0.0051			
	Endokrines_Gewebe	0.0000			
	Foetal	0.0099			
	Gastrointestinal	0.0000			
60	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut-Muskel	0.0324			
	Hoden	0.0000			
	Lunge	0.0328			
	Nerven	0.0141			
65	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
	Uterus_n	0.0167			

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 97

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0195	0.0000	undef	0.0000
	Brust	0.0064	0.0038	1.7013	0.5878
	Duenndarm	0.0061	0.0000	undef	0.0000
	Eierstock	0.0030	0.0156	0.1919	5.2117
	Endokrines_Gewebe	0.0136	0.0251	0.5434	1.8403
10	Gastrointestinal	0.0134	0.0139	0.9664	1.0348
	Gehirn	0.0074	0.0277	0.2667	3.7502
	Haematopoetisch	0.0134	0.0000	undef	0.0000
	Haut	0.0037	0.0000	undef	0.0000
	Hepatisch	0.0048	0.0065	0.7353	1.3600
15	Herz	0.0127	0.0412	0.3084	3.2426
	Hoden	0.0115	0.0585	0.1968	5.0816
	Lunge	0.0104	0.0204	0.5080	1.9684
	Magen-Speiserohre	0.0193	0.0230	0.8404	1.1900
	Muskel-Skelett	0.0120	0.0240	0.4997	2.0011
20	Niere	0.0054	0.0068	0.7930	1.2610
	Pankreas	0.0083	0.0331	0.2493	4.0114
	Penis	0.0030	0.0000	undef	0.0000
	Prostata	0.0240	0.0277	0.8661	1.1545
	Uterus_Endometrium	0.0000	0.1055	0.0000	undef
25	Uterus_Myometrium	0.0152	0.0000	undef	0.0000
	Uterus_allgemein	0.0153	0.0000	undef	0.0000
	Brust-Hyperplasie	0.0064			
	Prostata-Hyperplasie	0.0178			
	Samenblase	0.0089			
30	Sinnesorgane	0.0000			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0113			
	Zervix	0.0000			
35	FOETUS				
	%Haeufigkeit				
	Entwicklung	0.0000			
	Gastrointestinal	0.0111			
	Gehirn	0.0000			
40	Haematopoetisch	0.0039			
	Haut	0.0000			
	Hepatisch	0.0000			
	Herz-Blutgefuesse	0.0036			
	Lunge	0.0181			
45	Nebenniere	0.0000			
	Niere	0.0124			
	Placenta	0.0000			
	Prostata	0.0249			
	Sinnesorgane	0.0000			
50					
	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN				
	%Haeufigkeit				
	Brust	0.0000			
55	Eierstock_n	0.0000			
	Eierstock_t	0.0051			
	Endokrines_Gewebe	0.0000			
	Foetal	0.0012			
	Gastrointestinal	0.0122			
60	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut-Muskel	0.0065			
	Hoden	0.0000			
	Lunge	0.0082			
	Nerven	0.0070			
65	Prostata	0.0068			
	Sinnesorgane	0.0000			
	Uterus_n	0.0000			

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO:98

		NORMAL %Haeufigkeit	TUMOR %Haeufigkeit	Verhaeltnisse	
				N/T	T/N
5	Blase	0.0156	0.0000	undef	0.0000
	Brust	0.0026	0.0113	0.2268	4.4083
	Duennndarm	0.0031	0.0000	undef	0.0000
	Eierstock	0.0060	0.0026	2.3025	0.4343
	Endokrines_Gewebe	0.0119	0.0100	1.1887	0.8413
10	Gastrointestinal	0.0077	0.0000	undef	0.0000
	Gehirn	0.0229	0.0062	3.7198	0.2688
	Haematopoetisch	0.0027	0.0000	undef	0.0000
	Haut	0.0000	0.0847	0.0000	undef
	Hepatisch	0.0095	0.0000	undef	0.0000
15	Herz	0.0032	0.0000	undef	0.0000
	Hoden	0.0115	0.0000	undef	0.0000
	Lunge	0.0062	0.0041	1.5241	0.6561
	Magen-Speiserohre	0.0000	0.0000	undef	undef
	Muskel-Skelett	0.0000	0.0000	undef	undef
20	Niere	0.0027	0.0137	0.1983	5.0439
	Pankreas	0.0033	0.0055	0.5983	1.6714
	Penis	0.0090	0.0000	undef	0.0000
	Prostata	0.0044	0.0064	0.6824	1.4654
	Uterus_Endometrium	0.0000	0.0528	0.0000	undef
25	Uterus_Myometrium	0.0000	0.0136	0.0000	undef
	Uterus_allgemein	0.0051	0.0954	0.0534	18.7357
	Brust-Hyperplasie	0.0032			
	Prostata-Hyperplasie	0.0000			
	Samenblase	0.0000			
30	Sinnesorgane	0.0000			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0061			
	Zervix	0.0106			
35	FOETUS				
	%Haeufigkeit				
	Entwicklung	0.0557			
	Gastrointestinal	0.0083			
	Gehirn	0.0188			
40	Haematopoetisch	0.0039			
	Haut	0.0000			
	Hepatisch	0.0000			
	Herz-Blutgefuesse	0.0142			
	Lunge	0.0000			
45	Nebenniere	0.0254			
	Niere	0.0062			
	Placenta	0.0000			
	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0251			
50	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN				
	%Haeufigkeit				
	Brust	0.0068			
	Eierstock_n	0.0000			
	Eierstock_t	0.0051			
55	Endokrines_Gewebe	0.0245			
	Foetal	0.0175			
	Gastrointestinal	0.0000			
	Haematopoetisch	0.0114			
	Haut-Muskel	0.0389			
60	Hoden	0.0000			
	Lunge	0.0164			
	Nerven	0.0251			
	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0310			
65	Uterus_n	0.0208			

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 99

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0312	0.0026	12.2035	0.0819
	Brust	0.0166	0.0132	1.2638	0.7912
	Duennndarm	0.0061	0.0000	undef	0.0000
	Eierstock	0.0090	0.0026	3.4538	0.2895
	Endokrines_Gewebe	0.0085	0.0025	3.3962	0.2944
10	Gastrointestinal	0.0115	0.0231	0.4970	2.0121
	Gehirn	0.0074	0.0082	0.8999	1.1112
	Haematopoetisch	0.0120	0.0379	0.3176	3.1487
	Haut	0.0147	0.0000	undef	0.0000
	Hepatisch	0.0000	0.0000	undef	undef
15	Herz	0.0085	0.0275	0.3084	3.2426
	Hoden	0.0058	0.0000	undef	0.0000
	Lunge	0.0104	0.0061	1.6934	0.5905
	Magen-Speiserohre	0.0193	0.0000	undef	0.0000
	Muskel-Skelett	0.0051	0.0180	0.2856	3.5020
20	Niere	0.0109	0.0274	0.3965	2.5219
	Pankreas	0.0017	0.0000	undef	0.0000
	Penis	0.0150	0.0000	undef	0.0000
	Prostata	0.0022	0.0000	undef	0.0000
	Uterus_Endometrium	0.0203	0.0000	undef	0.0000
25	Uterus_Myometrium	0.0000	0.0000	undef	undef
	Uterus_allgemein	0.0255	0.0000	undef	0.0000
	Brust-Hyperplasie	0.0224			
	Prostata-Hyperplasie	0.0059			
	Samenblase	0.0089			
30	Sinnesorgane	0.0118			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0113			
	Zervix	0.0106			
35		FOETUS			
		%Haeufigkeit			
	Entwicklung	0.0139			
	Gastrointestinal	0.0111			
	Gehirn	0.0000			
40	Haematopoetisch	0.0039			
	Haut	0.0000			
	Hepatisch	0.0260			
	Herz-Blutgefuesse	0.0107			
	Lunge	0.0036			
45	Nebenniere	0.0507			
	Niere	0.0247			
	Placenta	0.0061			
	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
50					
		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN			
		%Haeufigkeit			
	Brust	0.0000			
55	Eierstock_n	0.0000			
	Eierstock_t	0.0051			
	Endokrines_Gewebe	0.0000			
	Foetal	0.0035			
	Gastrointestinal	0.0000			
60	Haematopoetisch	0.0057			
	Haut-Muskel	0.0130			
	Hoden	0.0000			
	Lunge	0.0000			
	Nerven	0.0040			
65	Prostata	0.0205			
	Sinnesorgane	0.0000			
	Uterus_n	0.0042			

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 100

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0156	0.0000	undef	0.0000
	Brust	0.0051	0.0056	0.9074	1.1021
	Duennndarm	0.0000	0.0000	undef	undef
	Eierstock	0.0030	0.0026	1.1513	0.8686
	Endokrines_Gewebe	0.0000	0.0075	0.0000	undef
10	Gastrointestinal	0.0000	0.0000	undef	undef
	Gehirn	0.0030	0.0051	0.5760	1.7362
	Haematopoetisch	0.0013	0.0000	undef	0.0000
	Haut	0.0000	0.0000	undef	undef
	Hepatisch	0.0000	0.0000	undef	undef
15	Herz	0.0021	0.0137	0.1542	6.4853
	Hoden	0.0058	0.0000	undef	0.0000
	Lunge	0.0052	0.0041	1.2701	0.7873
	Magen-Speiserohre	0.0000	0.0000	undef	undef
	Muskel-Skelett	0.0034	0.0000	undef	0.0000
20	Niere	0.0027	0.0000	undef	0.0000
	Pankreas	0.0000	0.0055	0.0000	undef
	Penis	0.0060	0.0000	undef	0.0000
	Prostata	0.0044	0.0000	undef	0.0000
	Uterus_Endometrium	0.0000	0.0000	undef	undef
25	Uterus_Myometrium	0.0000	0.0136	0.0000	undef
	Uterus_allgemein	0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust-Hyperplasie	0.0032			
	Prostata-Hyperplasie	0.0000			
	Samenblase	0.0089			
30	Sinnesorgane	0.0000			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0061			
	Zervix	0.0000			
35		FOETUS			
		%Haeufigkeit			
	Entwicklung	0.0000			
	Gastrointestinal	0.0000			
	Gehirn	0.0000			
40	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut	0.0000			
	Hepatisch	0.0000			
	Herz-Blutgefuesse	0.0000			
	Lunge	0.0000			
45	Nebenniere	0.0000			
	Niere	0.0000			
	Placenta	0.0000			
	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
50		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN			
		%Haeufigkeit			
	Brust	0.0068			
	Eierstock_n	0.0000			
	Eierstock_t	0.0000			
55	Endokrines_Gewebe	0.0000			
	Foetal	0.0006			
	Gastrointestinal	0.0122			
	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut-Muskel	0.0065			
60	Hoden	0.0000			
	Lunge	0.0000			
	Nerven	0.0030			
	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
65	Uterus_n	0.0125			

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 101

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0234	0.0026	9.1527	0.1093
	Brust	0.0077	0.0094	0.8166	1.2245
	Duenn darm	0.0123	0.0000	undef	0.0000
	Eierstock	0.0060	0.0000	undef	0.0000
	Endokrines_Gewebe	0.0034	0.0050	0.6792	1.4722
10	Gastrointestinal	0.0057	0.0139	0.4142	2.4145
	Gehirn	0.0015	0.0021	0.7200	1.3890
	Haematopoetisch	0.0000	0.0000	undef	undef
	Haut	0.0073	0.0000	undef	0.0000
	Hepatisch	0.0048	0.0129	0.3676	2.7200
15	Herz	0.0074	0.0000	undef	0.0000
	Hoden	0.0058	0.0000	undef	0.0000
	Lunge	0.0052	0.0020	2.5402	0.3937
	Magen-Speiserohre	0.0097	0.0077	1.2605	0.7933
	Muskel-Skelett	0.0069	0.0000	undef	0.0000
20	Niere	0.0081	0.0137	0.5948	1.6813
	Pankreas	0.0000	0.0166	0.0000	undef
	Penis	0.0150	0.0800	0.1872	5.3421
	Prostata	0.0109	0.0085	1.2795	0.7815
	Uterus_Endometrium	0.0068	0.0000	undef	0.0000
25	Uterus_Myometrium	0.0076	0.0000	undef	0.0000
	Uterus_allgemein	0.0102	0.0000	undef	0.0000
	Brust-Hyperplasie	0.0064			
	Prostata-Hyperplasie	0.0059			
	Samenblase	0.0000			
30	Sinnesorgane	0.0118			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0078			
	Zervix	0.0213			
35		FOETUS			
		%Haeufigkeit			
	Entwicklung	0.0000			
	Gastrointestinal	0.0056			
	Gehirn	0.0000			
40	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut	0.0000			
	Hepatisch	0.0000			
	Herz-Blutgefuesse	0.0000			
	Lunge	0.0108			
45	Nebenniere	0.0000			
	Niere	0.0000			
	Placenta	0.0000			
	Prostata	0.0000			
50	Sinnesorgane	0.0000			
		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN			
		%Haeufigkeit			
	Brust	0.0408			
55	Eierstock_n	0.1595			
	Eierstock_t	0.0101			
	Endokrines_Gewebe	0.0000			
	Foetal	0.0029			
	Gastrointestinal	0.0122			
60	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut-Muskel	0.0130			
	Hoden	0.0154			
	Lunge	0.0082			
	Nerven	0.0000			
65	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
	Uterus_n	0.0000			

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 102

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0156	0.0000	undef	0.0000
	Brust	0.0026	0.0000	undef	0.0000
	Duenn darm	0.0000	0.0000	undef	undef
	Eierstock	0.0000	0.0000	undef	undef
	Endokrines_Gewebe	0.0000	0.0025	0.0000	undef
10	Gastrointestinal	0.0000	0.0000	undef	undef
	Gehirn	0.0015	0.0010	1.4399	0.6945
	Haematopoetisch	0.0000	0.0000	undef	undef
	Haut	0.0073	0.0000	undef	0.0000
	Hepatisch	0.0000	0.0000	undef	undef
15	Herz	0.0021	0.0000	undef	0.0000
	Hoden	0.0000	0.0000	undef	undef
	Lunge	0.0000	0.0000	undef	undef
	Magen-Speiserohre	0.0000	0.0000	undef	undef
	Muskel-Skelett	0.0000	0.0000	undef	undef
20	Niere	0.0000	0.0000	undef	undef
	Pankreas	0.0017	0.0000	undef	0.0000
	Penis	0.0030	0.0000	undef	0.0000
	Prostata	0.0065	0.0021	3.0709	0.3256
	Uterus_Endometrium	0.0000	0.0000	undef	undef
25	Uterus_Myometrium	0.0000	0.0000	undef	undef
	Uterus_allgemein	0.0102	0.0000	undef	0.0000
	Brust-Hyperplasie	0.0000			
	Prostata-Hyperplasie	0.0030			
	Samenblase	0.0000			
30	Sinnesorgane	0.0000			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0000			
	Zervix	0.0000			
35		FOETUS			
		%Haeufigkeit			
	Entwicklung	0.0000			
	Gastrointestinal	0.0000			
	Gehirn	0.0000			
40	Haematopoetisch	0.0039			
	Haut	0.0000			
	Hepatisch	0.0260			
	Herz-Blutgefuesse	0.0000			
	Lunge	0.0000			
45	Nebenniere	0.0000			
	Niere	0.0000			
	Placenta	0.0000			
	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
50					
		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN			
		%Haeufigkeit			
	Brust	0.0204			
55	Eierstock_n	0.0000			
	Eierstock_t	0.0000			
	Endokrines_Gewebe	0.0000			
	Foetal	0.0070			
	Gastrointestinal	0.0000			
60	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut-Muskel	0.0000			
	Hoden	0.0000			
	Lunge	0.0000			
	Nerven	0.0030			
65	Prostata	0.0137			
	Sinnesorgane	0.0000			
	Uterus_n	0.0083			

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 103

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0156	0.0000	undef	0.0000
	Brust	0.0000	0.0000	undef	undef
	Duenn darm	0.0000	0.0000	undef	undef
	Eierstock	0.0000	0.0000	undef	undef
	Endokrines_Gewebe	0.0000	0.0000	undef	undef
10	Gastrointestinal	0.0019	0.0000	undef	0.0000
	Gehirn	0.0000	0.0000	undef	undef
	Haematopoetisch	0.0000	0.0000	undef	undef
	Haut	0.0000	0.0000	undef	undef
	Hepatisch	0.0000	0.0000	undef	undef
15	Herz	0.0000	0.0000	undef	undef
	Hoden	0.0000	0.0000	undef	undef
	Lunge	0.0000	0.0000	undef	undef
	Magen-Speiserohre	0.0000	0.0000	undef	undef
	Muskel-Skelett	0.0000	0.0000	undef	undef
20	Niere	0.0000	0.0000	undef	undef
	Pankreas	0.0000	0.0000	undef	undef
	Penis	0.0000	0.0000	undef	undef
	Prostata	0.0000	0.0000	undef	undef
	Uterus_Endometrium	0.0000	0.0000	undef	undef
25	Uterus_Myometrium	0.0000	0.0000	undef	undef
	Uterus_allgemein	0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust-Hyperplasie	0.0000			
	Prostata-Hyperplasie	0.0000			
	Samenblase	0.0000			
30	Sinnesorgane	0.0000			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0000			
	Zervix	0.0000			
35		FOETUS			
		%Haeufigkeit			
	Entwicklung	0.0000			
	Gastrointestinal	0.0000			
	Gehirn	0.0000			
40	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut	0.0000			
	Hepatisch	0.0000			
	Herz-Blutgefuesse	0.0000			
	Lunge	0.0000			
45	Nebenniere	0.0000			
	Niere	0.0000			
	Placenta	0.0000			
	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
50					
		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN			
		%Haeufigkeit			
	Brust	0.0000			
55	Eierstock_n	0.0000			
	Eierstock_t	0.0000			
	Endokrines_Gewebe	0.0000			
	Foetal	0.0000			
	Gastrointestinal	0.0000			
60	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut-Muskel	0.0000			
	Hoden	0.0000			
	Lunge	0.0000			
	Nerven	0.0000			
65	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
	Uterus_n	0.0000			

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 104

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0312	0.0051	6.1018	0.1639
	Brust	0.0102	0.0056	1.8147	0.5510
	Duenn darm	0.0092	0.0000	undef	0.0000
	Eierstock	0.0180	0.0104	1.7269	0.5791
	Endokrines_Gewebe	0.0085	0.0176	0.4852	2.0611
10	Gastrointestinal	0.0172	0.0046	3.7275	0.2683
	Gehirn	0.0126	0.0123	1.0199	0.9804
	Haematopoetisch	0.0040	0.0758	0.0529	18.8919
	Haut	0.0257	0.0000	undef	0.0000
	Hepatisch	0.0000	0.0000	undef	undef
15	Herz	0.0138	0.0275	0.5011	1.9955
	Hoden	0.0058	0.0000	undef	0.0000
	Lunge	0.0145	0.0102	1.4225	0.7030
	Magen-Speiserohre	0.0000	0.0077	0.0000	undef
	Muskel-Skelett	0.0206	0.0000	undef	0.0000
20	Niere	0.0190	0.0137	1.3878	0.7206
	Pankreas	0.0050	0.0110	0.4487	2.2286
	Penis	0.0180	0.0000	undef	0.0000
	Prostata	0.0087	0.0000	undef	0.0000
	Uterus_Endometrium	0.0203	0.0000	undef	0.0000
25	Uterus_Myometrium	0.0152	0.0136	1.1223	0.8911
	Uterus_allgemein	0.0153	0.0000	undef	0.0000
	Brust-Hyperplasie	0.0096			
	Prostata-Hyperplasie	0.0149			
	Samenblase	0.0089			
30	Sinnesorgane	0.0353			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0043			
	Zervix	0.0000			
35		FOETUS			
		%Haeufigkeit			
	Entwicklung	0.0000			
	Gastrointestinal	0.0056			
	Gehirn	0.0000			
40	Haematopoetisch	0.0039			
	Haut	0.0000			
	Hepatisch	0.0260			
	Herz-Blutgefuesse	0.0036			
	Lunge	0.0000			
45	Nebenniere	0.0000			
	Niere	0.0185			
	Placenta	0.1030			
	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0251			
50					
		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN			
		%Haeufigkeit			
	Brust	0.0204			
55	Eierstock_n	0.1595			
	Eierstock_t	0.0253			
	Endokrines_Gewebe	0.0000			
	Foetal	0.0192			
	Gastrointestinal	0.0122			
60	Haematopoetisch	0.0057			
	Haut-Muskel	0.0324			
	Hoden	0.0154			
	Lunge	0.0000			
	Nerven	0.0151			
65	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0077			
	Uterus_n	0.0208			

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 105

		NORMAL		TUMOR		Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit		%Haeufigkeit		N/T	T/N
5	Blase	0.0156	0.0000	0.0000	0.0000	undef	0.0000
	Brust	0.0115	0.0132	0.0132	0.8750	1.1429	
	Duenn darm	0.0092	0.0000	0.0000	undef	0.0000	
	Eierstock	0.0090	0.0052	0.0052	1.7269	0.5791	
10	Endokrines_Gewebe	0.0034	0.0050	0.0050	0.6792	1.4722	
	Gastrointestinal	0.0115	0.0000	0.0000	undef	0.0000	
	Gehirn	0.0030	0.0041	0.0041	0.7200	1.3890	
	Haematopoetisch	0.0013	0.0000	0.0000	undef	0.0000	
15	Haut	0.0073	0.0000	0.0000	undef	0.0000	
	Hepatisch	0.0000	0.0129	0.0129	0.0000	undef	
	Herz	0.0127	0.0000	0.0000	undef	0.0000	
	Hoden	0.0000	0.0117	0.0117	0.0000	undef	
20	Lunge	0.0042	0.0000	0.0000	undef	0.0000	
	Magen-Speiserohre	0.0097	0.0000	0.0000	undef	0.0000	
	Muskel-Skelett	0.0051	0.0000	0.0000	undef	0.0000	
	Niere	0.0027	0.0068	0.0068	0.3965	2.5219	
25	Pankreas	0.0050	0.0000	0.0000	undef	0.0000	
	Penis	0.0180	0.0000	0.0000	undef	0.0000	
	Prostata	0.0109	0.0085	0.0085	1.2795	0.7815	
	Uterus_Endometrium	0.0068	0.0000	0.0000	undef	0.0000	
30	Uterus_Myometrium	0.0000	0.0000	0.0000	undef	undef	
	Uterus_allgemein	0.0051	0.0000	0.0000	undef	0.0000	
	Brust-Hyperplasie	0.0064					
	Prostata-Hyperplasie	0.0059					
35	Samenblase	0.0178					
	Sinnesorgane	0.0000					
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0000					
	Zervix	0.0319					
40	FOETUS						
	%Haeufigkeit						
	Entwicklung	0.0000					
	Gastrointestinal	0.0028					
45	Gehirn	0.0125					
	Haematopoetisch	0.0000					
	Haut	0.0000					
	Hepatisch	0.0000					
50	Herz-Blutgefuesse	0.0107					
	Lunge	0.0108					
	Nebenniere	0.0254					
	Niere	0.0000					
55	Placenta	0.0121					
	Prostata	0.0249					
	Sinnesorgane	0.0000					
	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN						
60	%Haeufigkeit						
	Brust	0.0000					
	Eierstock_n	0.0000					
	Eierstock_t	0.0051					
65	Endokrines_Gewebe	0.0000					
	Foetal	0.0099					
	Gastrointestinal	0.0122					
	Haematopoetisch	0.0000					
	Haut-Muskel	0.0259					
	Hoden	0.0000					
	Lunge	0.0082					
	Nerven	0.0100					
	Prostata	0.0000					
	Sinnesorgane	0.0000					
	Uterus_n	0.0042					

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 106

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0312	0.0077	4.0678	0.2458
	Brust	0.0192	0.0019	10.2079	0.0980
	Duenn darm	0.0061	0.0000	undef	0.0000
	Eierstock	0.0060	0.0390	0.1535	6.5146
	Endokrines Gewebe	0.0068	0.0075	0.9057	1.1042
10	Gastrointestinal	0.0057	0.0046	1.2425	0.8048
	Gehirn	0.0118	0.0164	0.7200	1.3890
	Haematopoetisch	0.0080	0.0379	0.2117	4.7230
	Haut	0.0184	0.0000	undef	0.0000
	Hepatisch	0.0000	0.0129	0.0000	undef
15	Herz	0.0191	0.0275	0.6939	1.4412
	Hoden	0.0000	0.0000	undef	undef
	Lunge	0.0239	0.0102	2.3370	0.4279
	Magen-Speiserohre	0.0000	0.0307	0.0000	undef
	Muskel-Skelett	0.0051	0.0240	0.2142	4.6693
20	Niere	0.0081	0.0137	0.5948	1.6813
	Pankreas	0.0033	0.0110	0.2991	3.3428
	Penis	0.0120	0.0000	undef	0.0000
	Prostata	0.0022	0.0021	1.0236	0.9769
	Uterus_Endometrium	0.0068	0.0000	undef	0.0000
25	Uterus_Myometrium	0.0000	0.0204	0.0000	undef
	Uterus_allgemein	0.0153	0.0000	undef	0.0000
	Brust-Hyperplasie	0.0320			
	Prostata-Hyperplasie	0.0059			
	Samenblase	0.0178			
30	Sinnesorgane	0.0118			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0087			
	Zervix	0.0319			
35		FOETUS			
		%Haeufigkeit			
	Entwicklung	0.0278			
	Gastrointestinal	0.0167			
	Gehirn	0.0125			
40	Haematopoetisch	0.0079			
	Haut	0.0000			
	Hepatisch	0.0000			
	Herz-Blutgefuesse	0.0213			
	Lunge	0.0181			
45	Nebenniere	0.0507			
	Niere	0.0062			
	Placenta	0.0121			
	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.2762			
50					
		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN			
		%Haeufigkeit			
	Brust	0.0000			
55	Eierstock_n	0.0000			
	Eierstock_t	0.0203			
	Endokrines_Gewebe	0.0245			
	Foetal	0.0198			
	Gastrointestinal	0.0000			
60	Haematopoetisch	0.0171			
	Haut-Muskel	0.0000			
	Hoden	0.0000			
	Lunge	0.0082			
	Nerven	0.0161			
65	Prostata	0.0137			
	Sinnesorgane	0.0000			
	Uterus_n	0.0208			

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 107

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0156	0.0000	undef	0.0000
	Brust	0.0000	0.0000	undef	undef
	Duenn darm	0.0000	0.0000	undef	undef
	Eierstock	0.0000	0.0000	undef	undef
	Endokrines_Gewebe	0.0000	0.0000	undef	undef
10	Gastrointestinal	0.0000	0.0000	undef	undef
	Gehirn	0.0015	0.0000	undef	0.0000
	Haematopoetisch	0.0013	0.0000	undef	0.0000
	Haut	0.0000	0.0000	undef	undef
	Hepatisch	0.0000	0.0000	undef	undef
15	Herz	0.0000	0.0000	undef	undef
	Hoden	0.0000	0.0000	undef	undef
	Lunge	0.0000	0.0000	undef	undef
	Magen-Speiserohre	0.0000	0.0000	undef	undef
	Muskel-Skelett	0.0000	0.0000	undef	undef
20	Niere	0.0000	0.0000	undef	undef
	Pankreas	0.0000	0.0000	undef	undef
	Penis	0.0000	0.0000	undef	undef
	Prostata	0.0000	0.0000	undef	undef
	Uterus_Endometrium	0.0000	0.0000	undef	undef
25	Uterus_Myometrium	0.0000	0.0000	undef	undef
	Uterus_allgemein	0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust-Hyperplasie	0.0000			
	Prostata-Hyperplasie	0.0000			
	Samenblase	0.0000			
30	Sinnesorgane	0.0000			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0000			
	Zervix	0.0000			
35		FOETUS			
		%Haeufigkeit			
	Entwicklung	0.0000			
	Gastrointestinal	0.0000			
	Gehirn	0.0063			
40	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut	0.0000			
	Hepatisch	0.0000			
	Herz-Blutgefuesse	0.0000			
	Lunge	0.0000			
45	Nebenniere	0.0000			
	Niere	0.0000			
	Placenta	0.0000			
	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
50					
		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN			
		%Haeufigkeit			
	Brust	0.0000			
55	Eierstock_n	0.0000			
	Eierstock_t	0.0000			
	Endokrines_Gewebe	0.0000			
	Foetal	0.0000			
	Gastrointestinal	0.0000			
60	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut-Muskel	0.0032			
	Hoden	0.0000			
	Lunge	0.0000			
	Nerven	0.0000			
65	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
	Uterus_n	0.0000			

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 108

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0195	0.0000	undef	0.0000
	Brust	0.0038	0.0056	0.6805	1.4694
	Duennndarm	0.0061	0.0165	0.3707	2.6973
	Eierstock	0.0030	0.0052	0.5756	1.7372
	Endokrines_Gewebe	0.0017	0.0100	0.1698	5.8889
10	Gastrointestinal	0.0096	0.0000	undef	0.0000
	Gehirn	0.0022	0.0103	0.2160	4.6299
	Haematopoetisch	0.0027	0.0758	0.0353	28.3379
	Haut	0.0073	0.0000	undef	0.0000
	Hepatisch	0.0000	0.0000	undef	undef
15	Herz	0.0042	0.0000	undef	0.0000
	Hoden	0.0000	0.0000	undef	undef
	Lunge	0.0125	0.0061	2.0321	0.4921
	Magen-Speiserohre	0.0097	0.0000	undef	0.0000
	Muskel-Skelett	0.0017	0.0000	undef	0.0000
20	Niere	0.0000	0.0137	0.0000	undef
	Pankreas	0.0000	0.0221	0.0000	undef
	Penis	0.0000	0.0000	undef	undef
	Prostata	0.0065	0.0021	3.0709	0.3256
	Uterus_Endometrium	0.0000	0.0528	0.0000	undef
25	Uterus_Myometrium	0.0076	0.0000	undef	0.0000
	Uterus_allgemein	0.0051	0.0000	undef	0.0000
	Brust-Hyperplasie	0.0032			
	Prostata-Hyperplasie	0.0059			
	Samenblase	0.0000			
30	Sinnesorgane	0.0118			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0095			
	Zervix	0.0000			
35		FOETUS			
		%Haeufigkeit			
	Entwicklung	0.0000			
	Gastrointestinal	0.0056			
	Gehirn	0.0000			
40	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut	0.0000			
	Hepatisch	0.0000			
	Herz-Blutgefuesse	0.0000			
	Lunge	0.0000			
45	Nebenniere	0.0000			
	Niere	0.0000			
	Placenta	0.0000			
	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
50					
		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN			
		%Haeufigkeit			
	Brust	0.0000			
55	Eierstock_n	0.0000			
	Eierstock_t	0.0759			
	Endokrines_Gewebe	0.0000			
	Foetal	0.0000			
	Gastrointestinal	0.0000			
60	Haematopoetisch	0.0057			
	Haut-Muskel	0.0000			
	Hoden	0.0000			
	Lunge	0.0164			
	Nerven	0.0000			
65	Prostata	0.0274			
	Sinnesorgane	0.0000			
	Uterus_n	0.0083			

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 109

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0507	0.0179	2.8330	0.3530
	Brust	0.0153	0.0000	undef	0.0000
	Duennndarm	0.0276	0.0000	undef	0.0000
	Eierstock	0.0270	0.0000	undef	0.0000
	Endokrines_Gewebe	0.0119	0.0075	1.5849	0.6309
10	Gastrointestinal	0.0096	0.0046	2.0708	0.4829
	Gehirn	0.0044	0.0010	4.3198	0.2315
	Haematopoetisch	0.0000	0.0000	undef	undef
	Haut	0.0000	0.0000	undef	undef
	Hepatisch	0.0000	0.0065	0.0000	undef
15	Herz	0.0201	0.0000	undef	0.0000
	Hoden	0.0115	0.0000	undef	0.0000
	Lunge	0.0073	0.0000	undef	0.0000
	Magen-Speiseroehre	0.0580	0.0230	2.5211	0.3967
	Muskel-Skelett	0.0771	0.0000	undef	0.0000
20	Niere	0.0000	0.0068	0.0000	undef
	Pankreas	0.0033	0.0221	0.1496	6.6857
	Penis	0.0210	0.0000	undef	0.0000
	Prostata	0.0174	0.0106	1.6378	0.6106
	Uterus_Endometrium	0.0068	0.0000	undef	0.0000
25	Uterus_Myometrium	0.0229	0.0068	3.3668	0.2970
	Uterus_allgemein	0.0357	0.0000	undef	0.0000
	Brust-Hyperplasie	0.0096			
	Prostata-Hyperplasie	0.0149			
	Samenblase	0.0534			
30	Sinnesorgane	0.0000			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0000			
	Zervix	0.0000			
35	FOETUS				
	%Haeufigkeit				
	Entwicklung	0.0000			
	Gastrointestinal	0.0083			
	Gehirn	0.0000			
40	Haematopoetisch	0.0039			
	Haut	0.0000			
	Hepatisch	0.0000			
	Herz-Blutgefuesse	0.0000			
	Lunge	0.0000			
45	Nebenniere	0.0507			
	Niere	0.0062			
	Placenta	0.0242			
	Prostata	0.0748			
50	Sinnesorgane	0.0000			
	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN				
	%Haeufigkeit				
	Brust	0.0816			
55	Eierstock_n	0.0000			
	Eierstock_t	0.0000			
	Endokrines_Gewebe	0.0000			
	Foetal	0.0041			
	Gastrointestinal	0.0244			
60	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut-Muskel	0.0097			
	Hoden	0.0000			
	Lunge	0.0000			
	Nerven	0.0030			
65	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
	Uterus_n	0.0042			

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 110

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0156	0.0000	undef	0.0000
	Brust	0.0230	0.0038	6.1248	0.1633
	Duenn darm	0.0031	0.0000	undef	0.0000
	Eierstock	0.0120	0.0000	undef	0.0000
	Endokrines Gewebe	0.0136	0.0025	5.4340	0.1840
10	Gastrointestinal	0.0000	0.0000	undef	undef
	Gehirn	0.0022	0.0031	0.7200	1.3890
	Haematopoetisch	0.0027	0.0000	undef	0.0000
	Haut	0.0184	0.0000	undef	0.0000
	Hepatisch	0.0000	0.0065	0.0000	undef
15	Herz	0.0212	0.0137	1.5420	0.6485
	Hoden	0.0000	0.0000	undef	undef
	Lunge	0.0156	0.0164	0.9526	1.0498
	Magen-Speiserohre	0.0000	0.0077	0.0000	undef
	Muskel-Skelett	0.0069	0.0180	0.3807	2.6265
20	Niere	0.0000	0.0000	undef	undef
	Pankreas	0.0017	0.0000	undef	0.0000
	Penis	0.0060	0.0000	undef	0.0000
	Prostata	0.0000	0.0043	0.0000	undef
	Uterus_Endometrium	0.0068	0.0000	undef	0.0000
25	Uterus_Myometrium	0.0305	0.0068	4.4891	0.2228
	Uterus_allgemein	0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust-Hyperplasie	0.0192			
	Prostata-Hyperplasie	0.0089			
	Samenblase	0.0000			
30	Sinnesorgane	0.0235			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0000			
	Zervix	0.0532			
35		FOETUS			
		%Haeufigkeit			
	Entwicklung	0.0417			
	Gastrointestinal	0.0056			
	Gehirn	0.0000			
40	Haematopoetisch	0.0039			
	Haut	0.0000			
	Hepatisch	0.0000			
	Herz-Blutgefuesse	0.0213			
	Lunge	0.0072			
45	Nebenniere	0.0000			
	Niere	0.0124			
	Placenta	0.0121			
	Prostata	0.0249			
50	Sinnesorgane	0.0000			
		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN			
		%Haeufigkeit			
	Brust	0.0204			
55	Eierstock_n	0.0000			
	Eierstock_t	0.0000			
	Endokrines Gewebe	0.0000			
	Foetal	0.0064			
	Gastrointestinal	0.0000			
60	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut-Muskel	0.0162			
	Hoden	0.0000			
	Lunge	0.0000			
	Nerven	0.0080			
65	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
	Uterus_n	0.0125			

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 111

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0312	0.0026	12.2035	0.0819
	Brust	0.0051	0.0019	2.7221	0.3674
	Duennndarm	0.0000	0.0000	undef	undef
	Eierstock	0.0000	0.0026	0.0000	undef
	Endokrines_Gewebe	0.0017	0.0025	0.6792	1.4722
10	Gastrointestinal	0.0038	0.0000	undef	0.0000
	Gehirn	0.0022	0.0041	0.5400	1.8520
	Haematopoetisch	0.0013	0.0000	undef	0.0000
	Haut	0.0000	0.0000	undef	undef
	Hepatisch	0.0000	0.0065	0.0000	undef
15	Herz	0.0011	0.0137	0.0771	12.9706
	Hoden	0.0000	0.0000	undef	undef
	Lunge	0.0021	0.0020	1.0161	0.9842
	Magen-Speiserohre	0.0000	0.0000	undef	undef
	Muskel-Skelett	0.0034	0.0000	undef	0.0000
20	Niere	0.0081	0.0000	undef	0.0000
	Pankreas	0.0017	0.0055	0.2991	3.3428
	Penis	0.0030	0.0000	undef	0.0000
	Prostata	0.0044	0.0021	2.0473	0.4885
	Uterus_Endometrium	0.0135	0.0000	undef	0.0000
25	Uterus_Myometrium	0.0076	0.0000	undef	0.0000
	Uterus_allgemein	0.0051	0.0000	undef	0.0000
	Brust-Hyperplasie	0.0032			
	Prostata-Hyperplasie	0.0000			
	Samenblase	0.0000			
30	Sinnesorgane	0.0000			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0009			
	Zervix	0.0000			
35		FOETUS			
		%Haeufigkeit			
	Entwicklung	0.0000			
	Gastrointestinal	0.0000			
	Gehirn	0.0000			
40	Haematopoetisch	0.0039			
	Haut	0.0000			
	Hepatisch	0.0000			
	Herz-Blutgefuesse	0.0000			
	Lunge	0.0000			
45	Nebenniere	0.0254			
	Niere	0.0124			
	Placenta	0.0121			
	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
50					
		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN			
		%Haeufigkeit			
	Brust	0.0340			
55	Eierstock_n	0.0000			
	Eierstock_t	0.0000			
	Endokrines_Gewebe	0.0000			
	Foetal	0.0012			
	Gastrointestinal	0.0000			
60	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut-Muskel	0.0065			
	Hoden	0.0000			
	Lunge	0.0082			
	Nerven	0.0020			
65	Prostata	0.0205			
	Sinnesorgane	0.0000			
	Uterus_n	0.0000			

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 112

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0156	0.0000	undef	0.0000
	Brust	0.0013	0.0000	undef	0.0000
	Duenndarm	0.0000	0.0000	undef	undef
	Eierstock	0.0000	0.0000	undef	undef
	Endokrines Gewebe	0.0000	0.0000	undef	undef
10	Gastrointestinal	0.0000	0.0000	undef	undef
	Gehirn	0.0000	0.0021	0.0000	undef
	Haematopoetisch	0.0000	0.0000	undef	undef
	Haut	0.0000	0.0000	undef	undef
	Hepatisch	0.0000	0.0000	undef	undef
15	Herz	0.0021	0.0137	0.1542	6.4853
	Hoden	0.0000	0.0000	undef	undef
	Lunge	0.0010	0.0000	undef	0.0000
	Magen-Speiserohre	0.0000	0.0000	undef	undef
	Muskel-Skelett	0.0000	0.0000	undef	undef
20	Niere	0.0027	0.0068	0.3965	2.5219
	Pankreas	0.0000	0.0000	undef	undef
	Penis	0.0030	0.0000	undef	0.0000
	Prostata	0.0000	0.0021	0.0000	undef
	Uterus_Endometrium	0.0000	0.0000	undef	undef
25	Uterus_Myometrium	0.0000	0.0000	undef	undef
	Uterus_allgemein	0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust-Hyperplasie	0.0032			
	Prostata-Hyperplasie	0.0000			
	Samenblase	0.0000			
30	Sinnesorgane	0.0118			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0043			
	Zervix	0.0000			
35		FOETUS			
		%Haeufigkeit			
	Entwicklung	0.0000			
	Gastrointestinal	0.0028			
	Gehirn	0.0000			
40	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut	0.0000			
	Hepatisch	0.0000			
	Herz-Blutgefuesse	0.0000			
	Lunge	0.0000			
45	Nebenniere	0.0000			
	Niere	0.0000			
	Placenta	0.0000			
	Prostata	0.0000			
50	Sinnesorgane	0.0000			
		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN			
		%Haeufigkeit			
	Brust	0.0000			
55	Eierstock_n	0.0000			
	Eierstock_t	0.0000			
	Endokrines Gewebe	0.0000			
	Foetal	0.0017			
	Gastrointestinal	0.0122			
60	Haematopoetisch	0.0114			
	Haut-Muskel	0.0065			
	Hoden	0.0154			
	Lunge	0.0082			
	Nerven	0.0000			
65	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
	Uterus_n	0.0000			

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 113

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0312	0.0026	12.2035	0.0819
	Brust	0.0102	0.0019	5.4442	0.1837
	Duennndarm	0.0031	0.0000	undef	0.0000
	Eierstock	0.0060	0.0000	undef	0.0000
	Endokrines_Gewebe	0.0000	0.0050	0.0000	undef
10	Gastrointestinal	0.0019	0.0000	undef	0.0000
	Gehirn	0.0037	0.0031	1.1999	0.8334
	Haematopoetisch	0.0000	0.0000	undef	undef
	Haut	0.0037	0.0000	undef	0.0000
	Hepatisch	0.0000	0.0000	undef	undef
15	Herz	0.0021	0.0000	undef	0.0000
	Hoden	0.0000	0.0000	undef	undef
	Lunge	0.0042	0.0020	2.0321	0.4921
	Magen-Speiseroehre	0.0000	0.0000	undef	undef
	Muskel-Skelett	0.0017	0.0180	0.0952	10.5060
20	Niere	0.0054	0.0068	0.7930	1.2610
	Pankreas	0.0017	0.0055	0.2991	3.3428
	Penis	0.0030	0.0000	undef	0.0000
	Prostata	0.0000	0.0000	undef	undef
	Uterus_Endometrium	0.0000	0.0000	undef	undef
25	Uterus_Myometrium	0.0000	0.0000	undef	undef
	Uterus_allgemein	0.0102	0.0000	undef	0.0000
	Brust-Hyperplasie	0.0032			
	Prostata-Hyperplasie	0.0000			
	Samenblase	0.0000			
30	Sinnesorgane	0.0706			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0000			
	Zervix	0.0000			
35	FOETUS				
	%Haeufigkeit				
	Entwicklung	0.0000			
	Gastrointestinal	0.0167			
	Gehirn	0.0000			
40	Haematopoetisch	0.0039			
	Haut	0.0000			
	Hepatisch	0.0000			
	Herz-Blutgefuesse	0.0000			
	Lunge	0.0036			
45	Nebenniere	0.0000			
	Niere	0.0062			
	Placenta	0.0667			
	Prostata	0.0249			
50	Sinnesorgane	0.0000			
	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN				
	%Haeufigkeit				
	Brust	0.0136			
55	Eierstock_n	0.0000			
	Eierstock_t	0.0203			
	Endokrines_Gewebe	0.0000			
	Foetal	0.0140			
	Gastrointestinal	0.0000			
60	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut-Muskel	0.0000			
	Hoden	0.0000			
	Lunge	0.0000			
	Nerven	0.0000			
65	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
	Uterus_n	0.0000			

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 114

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0156	0.0000	undef	0.0000
	Brust	0.0000	0.0038	0.0000	undef
	Duenn darm	0.0092	0.0000	undef	0.0000
	Eierstock	0.0030	0.0000	undef	0.0000
	Endokrines_Gewebe	0.0000	0.0000	undef	undef
10	Gastrointestinal	0.0000	0.0000	undef	undef
	Gehirn	0.0007	0.0031	0.2400	4.1669
	Haematopoetisch	0.0027	0.0000	undef	0.0000
	Haut	0.0000	0.0000	undef	undef
	Hepatisch	0.0000	0.0000	undef	undef
15	Herz	0.0021	0.0000	undef	0.0000
	Hoden	0.0000	0.0000	undef	undef
	Lunge	0.0021	0.0020	1.0161	0.9842
	Magen-Speiseroehre	0.0000	0.0000	undef	undef
	Muskel-Skelett	0.0000	0.0000	undef	undef
20	Niere	0.0000	0.0068	0.0000	undef
	Pankreas	0.0000	0.0000	undef	undef
	Penis	0.0000	0.0000	undef	undef
	Prostata	0.0022	0.0000	undef	0.0000
	Uterus_Endometrium	0.0068	0.0000	undef	0.0000
25	Uterus_Myometrium	0.0000	0.0000	undef	undef
	Uterus_allgemein	0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust-Hyperplasie	0.0000			
	Prostata-Hyperplasie	0.0000			
	Samenblase	0.0089			
30	Sinnesorgane	0.0000			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0017			
	Zervix	0.0000			
35		FOETUS			
		%Haeufigkeit			
	Entwicklung	0.0000			
	Gastrointestinal	0.0000			
	Gehirn	0.0000			
40	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut	0.0000			
	Hepatisch	0.0000			
	Herz-Blutgefuesse	0.0000			
	Lunge	0.0000			
45	Nebenniere	0.0000			
	Niere	0.0000			
	Placenta	0.0000			
	Prostata	0.0000			
50	Sinnesorgane	0.0000			
55		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN			
		%Haeufigkeit			
	Brust	0.0068			
	Eierstock_n	0.0000			
	Eierstock_t	0.0051			
	Endokrines_Gewebe	0.0000			
	Foetal	0.0006			
	Gastrointestinal	0.0000			
60	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut-Muskel	0.0000			
	Hoden	0.0000			
	Lunge	0.0000			
	Nerven	0.0000			
65	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
	Uterus_n	0.0000			

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 115

		NORMAL		TUMOR		Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit		%Haeufigkeit		N/T	T/N
5	Blase	0.0195	0.0026	7.6272	0.1311		
	Brust	0.0038	0.0019	2.0416	0.4898		
	Duennndarm	0.0000	0.0000	undef	undef		
	Eierstock	0.0120	0.0052	2.3025	0.4343		
	Endokrines_Gewebe	0.0068	0.0000	undef	0.0000		
10	Gastrointestinal	0.0038	0.0000	undef	0.0000		
	Gehirn	0.0007	0.0051	0.1440	6.9448		
	Haematopoetisch	0.0027	0.0000	undef	0.0000		
	Haut	0.0037	0.0000	undef	0.0000		
	Hepatisch	0.0000	0.0129	0.0000	undef		
15	Herz	0.0042	0.0137	0.3084	3.2426		
	Hoden	0.0000	0.0000	undef	undef		
	Lunge	0.0000	0.0000	undef	undef		
	Magen-Speiserohre	0.0000	0.0000	undef	undef		
	Muskel-Skelett	0.0034	0.0000	undef	0.0000		
20	Niere	0.0000	0.0000	undef	undef		
	Pankreas	0.0066	0.0276	0.2393	4.1785		
	Penis	0.0000	0.0267	0.0000	undef.		
	Prostata	0.0022	0.0000	undef	0.0000		
	Uterus_Endometrium	0.0000	0.0000	undef	undef		
25	Uterus_Myometrium	0.0076	0.0000	undef	0.0000		
	Uterus_allgemein	0.0000	0.0000	undef	undef		
	Brust-Hyperplasie	0.0000					
	Prostata-Hyperplasie	0.0089					
	Samenblase	0.0178					
30	Sinnesorgane	0.0000					
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0035					
	Zervix	0.0000					
35	FOETUS						
	%Haeufigkeit						
	Entwicklung	0.0139					
	Gastrointestinal	0.0028					
	Gehirn	0.0000					
40	Haematopoetisch	0.0000					
	Haut	0.0000					
	Hepatisch	0.0000					
	Herz-Blutgefuesse	0.0000					
	Lunge	0.0036					
45	Nebenniere	0.0000					
	Niere	0.0062					
	Placenta	0.0121					
	Prostata	0.0000					
	Sinnesorgane	0.0000					
50	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN						
	%Haeufigkeit						
	Brust	0.0000					
	Eierstock_n	0.0000					
	Eierstock_t	0.0000					
55	Endokrines_Gewebe	0.0000					
	Foetal	0.0017					
	Gastrointestinal	0.0000					
	Haematopoetisch	0.0057					
	Haut-Muskel	0.0130					
60	Hoden	0.0000					
	Lunge	0.0000					
	Nerven	0.0020					
	Prostata	0.0000					
	Sinnesorgane	0.0000					
65	Uterus_n	0.0083					

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 116

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0624	0.0204	3.0509	0.3278
	Brust	0.0102	0.0000	undef	0.0000
	Duennndarm	0.0368	0.0165	2.2244	0.4496
	Eierstock	0.0120	0.0026	4.6050	0.2172
	Endokrines_Gewebe	0.0000	0.0050	0.0000	undef
10	Gastrointestinal	0.0556	0.0000	undef	0.0000
	Gehirn	0.0030	0.0041	0.7200	1.3890
	Haematopoetisch	0.0053	0.0000	undef	0.0000
	Haut	0.0110	0.0000	undef	0.0000
	Hepatisch	0.0190	0.0065	2.9412	0.3400
15	Herz	0.0042	0.0000	undef	0.0000
	Hoden	0.0000	0.0000	undef	undef
	Lunge	0.0031	0.0000	undef	0.0000
	Magen-Speiserohre	0.0290	0.0230	1.2605	0.7933
	Muskel-Skelett	0.0103	0.0000	undef	0.0000
20	Niere	0.0027	0.0000	undef	0.0000
	Pankreas	0.0033	0.0110	0.2991	3.3428
	Penis	0.1258	0.0000	undef	0.0000
	Prostata	0.0479	0.0319	1.5013	0.6661
	Uterus_Endometrium	0.0338	0.0000	undef	0.0000
25	Uterus_Myometrium	0.1067	0.0272	3.9279	0.2546
	Uterus_allgemein	0.0509	0.0000	undef	0.0000
	Brust-Hyperplasie	0.0128			
	Prostata-Hyperplasie	0.0476			
	Samenblase	0.0267			
30	Sinnesorgane	0.0000			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0000			
	Zervix	0.0213			
35		FOETUS			
		%Haeufigkeit			
	Entwicklung	0.0000			
	Gastrointestinal	0.0167			
	Gehirn	0.0000			
40	Haematopoetisch	0.0118			
	Haut	0.0000			
	Hepatisch	0.0000			
	Herz-Blutgefasse	0.0071			
	Lunge	0.0000			
45	Nebenniere	0.0000			
	Niere	0.0000			
	Placenta	0.0000			
	Prostata	0.0499			
	Sinnesorgane	0.0000			
50		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN			
		%Haeufigkeit			
	Brust	0.0204			
55	Eierstock_n	0.1595			
	Eierstock_t	0.0000			
	Endokrines_Gewebe	0.0000			
	Foetal	0.0082			
	Gastrointestinal	0.0610			
60	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut-Muskel	0.0032			
	Hoden	0.0000			
	Lunge	0.0000			
	Nerven	0.0060			
65	Prostata	0.0342			
	Sinnesorgane	0.0000			
	Uterus_n	0.0541			

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 117

		NORMAL		TUMOR		Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit		%Haeufigkeit		N/T	T/N
5	Blase	0.0156		0.0000		undef	0.0000
	Brust	0.0000		0.0019		0.0000	undef
	Duennndarm	0.0000		0.0000		undef	undef
	Eierstock	0.0000		0.0000		undef	undef
10	Endokrines_Gewebe	0.0000		0.0000		undef	undef
	Gastrointestinal	0.0000		0.0000		undef	undef
	Gehirn	0.0007		0.0000		undef	0.0000
	Haematopoetisch	0.0000		0.0000		undef	undef
15	Haut	0.0037		0.0000		undef	0.0000
	Hepatisch	0.0000		0.0000		undef	undef
	Herz	0.0000		0.0000		undef	undef
	Hoden	0.0000		0.0000		undef	undef
20	Lunge	0.0000		0.0000		undef	undef
	Magen-Speiserohre	0.0000		0.0000		undef	undef
	Muskel-Skelett	0.0000		0.0000		undef	undef
	Niere	0.0000		0.0000		undef	undef
25	Pankreas	0.0000		0.0000		undef	undef
	Penis	0.0000		0.0000		undef	undef
	Prostata	0.0000		0.0000		undef	undef
	Uterus_Endometrium	0.0000		0.0000		undef	undef
30	Uterus_Myometrium	0.0000		0.0000		undef	undef
	Uterus_allgemein	0.0000		0.0000		undef	undef
	Brust-Hyperplasie	0.0000					
	Prostata-Hyperplasie	0.0000					
35	Samenblase	0.0000					
	Sinnesorgane	0.0235					
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0000					
	Zervix	0.0000					
40	FOETUS						
	%Haeufigkeit						
	Entwicklung	0.0000					
	Gastrointestinal	0.0000					
45	Gehirn	0.0000					
	Haematopoetisch	0.0000					
	Haut	0.0000					
	Hepatisch	0.0000					
50	Herz-Blutgefuesse	0.0000					
	Lunge	0.0072					
	Nebenniere	0.0000					
	Niere	0.0000					
55	Placenta	0.0000					
	Prostata	0.0000					
	Sinnesorgane	0.0000					
60	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN						
	%Haeufigkeit						
	Brust	0.0000					
	Eierstock_n	0.0000					
65	Eierstock_t	0.0000					
	Endokrines_Gewebe	0.0000					
	Foetal	0.0000					
	Gastrointestinal	0.0000					
	Haematopoetisch	0.0000					
	Haut-Muskel	0.0000					
	Hoden	0.0000					
	Lunge	0.0000					
	Nerven	0.0000					
	Prostata	0.0000					
	Sinnesorgane	0.0000					
	Uterus_n	0.0000					

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 118

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0156	0.0000	undef	0.0000
	Brust	0.0026	0.0038	0.6805	1.4694
	Duennndarm	0.0031	0.0000	undef	0.0000
	Eierstock	0.0030	0.0026	1.1513	0.8686
	Endokrines_Gewebe	0.0068	0.0150	0.4528	2.2083
10	Gastrointestinal	0.0000	0.0000	undef	undef
	Gehirn	0.0007	0.0051	0.1440	6.9448
	Haematopoetisch	0.0027	0.0000	undef	0.0000
	Haut	0.0000	0.0000	undef	undef
	Hepatisch	0.0000	0.0065	0.0000	undef
15	Herz	0.0064	0.0137	0.4626	2.1618
	Hoden	0.0058	0.0000	undef	0.0000
	Lunge	0.0010	0.0000	undef	0.0000
	Magen-Speiserohre	0.0000	0.0000	undef	undef
	Muskel-Skelett	0.0017	0.0000	undef	0.0000
20	Niere	0.0027	0.0000	undef	0.0000
	Pankreas	0.0000	0.0110	0.0000	undef
	Penis	0.0000	0.0000	undef	undef
	Prostata	0.0044	0.0064	0.6824	1.4654
	Uterus_Endometrium	0.0000	0.0000	undef	undef
25	Uterus_Myometrium	0.0152	0.0068	2.2445	0.4455
	Uterus_allgemein	0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust-Hyperplasie	0.0000			
	Prostata-Hyperplasie	0.0089			
	Samenblase	0.0000			
30	Sinnesorgane	0.0000			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0026			
	Zervix	0.0000			
35		FOETUS			
		%Haeufigkeit			
	Entwicklung	0.0000			
	Gastrointestinal	0.0000			
	Gehirn	0.0000			
40	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut	0.0000			
	Hepatisch	0.0000			
	Herz-Blutgefuesse	0.0000			
	Lunge	0.0000			
45	Nebenniere	0.0000			
	Niere	0.0000			
	Placenta	0.0061			
	Prostata	0.0000			
50	Sinnesorgane	0.0000			
		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN			
		%Haeufigkeit			
	Brust	0.0000			
55	Eierstock_n	0.1595			
	Eierstock_t	0.0000			
	Endokrines_Gewebe	0.0000			
	Foetal	0.0006			
	Gastrointestinal	0.0000			
60	Haematopoetisch	0.0114			
	Haut-Muskel	0.0065			
	Hoden	0.0154			
	Lunge	0.0000			
	Nerven	0.0020			
65	Prostata	0.0068			
	Sinnesorgane	0.0077			
	Uterus_n	0.0000			

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 119

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
				%Haeufigkeit	N/T T/N
5	Blase	0.0819	0.0383	2.1356	0.4682
	Brust	0.0473	0.0320	1.4811	0.6752
	Duenn darm	0.0460	0.0331	1.3903	0.7193
	Eierstock	0.0539	0.0442	1.2190	0.8204
	Endokrines Gewebe	0.0494	0.0652	0.7576	1.3199
10	Gastrointestinal	0.0805	0.0139	5.7984	0.1725
	Gehirn	0.0451	0.0390	1.1557	0.8653
	Haematopoetisch	0.0374	0.0379	0.9881	1.0121
	Haut	0.0367	0.0000	undef	0.0000
	Hepatisch	0.0190	0.0323	0.5882	1.7000
15	Herz	0.0382	0.0825	0.4626	2.1618
	Hoden	0.0173	0.0117	1.4759	0.6775
	Lunge	0.0384	0.0184	2.0886	0.4788
	Magen-Speiserohre	0.0580	0.0537	1.0805	0.9255
	Muskel-Skelett	0.0514	0.0240	2.1416	0.4669
20	Niere	0.0489	0.0479	1.0196	0.9808
	Pankreas	0.0330	0.0663	0.4986	2.0057
	Penis	0.0359	0.0000	undef	0.0000
	Prostata	0.0610	0.0617	0.9883	1.0118
	Uterus_Endometrium	0.2838	0.0000	undef	0.0000
25	Uterus_Myometrium	0.0305	0.0000	undef	0.0000
	Uterus_allgemein	0.0509	0.0000	undef	0.0000
	Brust-Hyperplasie	0.2206			
	Prostata-Hyperplasie	0.0773			
	Samenblase	0.0089			
30	Sinnesorgane	0.0353			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0737			
	Zervix	0.0319			
35	FOETUS				
	%Haeufigkeit				
	Entwicklung	0.0278			
	Gastrointestinal	0.0361			
	Gehirn	0.0125			
40	Haematopoetisch	0.0157			
	Haut	0.0000			
	Hepatisch	0.0260			
	Herz-Blutgefuesse	0.0818			
	Lunge	0.0325			
45	Nebenniere	0.0000			
	Niere	0.0432			
	Placenta	0.0303			
	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0126			
50	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN				
	%Haeufigkeit				
	Brust	0.0340			
	Eierstock_n	0.1595			
	Eierstock_t	0.0101			
55	Endokrines Gewebe	0.0490			
	Foetal	0.0233			
	Gastrointestinal	0.0488			
	Haematopoetisch	0.0285			
	Haut-Muskel	0.0227			
60	Hoden	0.0154			
	Lunge	0.0164			
	Nerven	0.0261			
	Prostata	0.1163			
	Sinnesorgane	0.0929			
65	Uterus_n	0.0416			

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 120

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0195	0.0000	undef	0.0000
	Brust	0.0026	0.0038	0.6805	1.4694
	Duenn darm	0.0031	0.0000	undef	0.0000
	Eierstock	0.0000	0.0000	undef	undef
	Endokrines_Gewebe	0.0017	0.0025	0.6792	1.4722
10	Gastrointestinal	0.0038	0.0000	undef	0.0000
	Gehirn	0.0052	0.0041	1.2599	0.7937
	Haematopoetisch	0.0000	0.0000	undef	undef
	Haut	0.0000	0.0000	undef	undef
	Hepatisch	0.0000	0.0000	undef	undef
15	Herz	0.0011	0.0000	undef	0.0000
	Hoden	0.0000	0.0000	undef	undef
	Lunge	0.0000	0.0020	0.0000	undef
	Magen-Speiserohre	0.0000	0.0000	undef	undef
	Muskel-Skelett	0.0034	0.0000	undef	0.0000
20	Niere	0.0027	0.0000	undef	0.0000
	Pankreas	0.0000	0.0000	undef	undef
	Penis	0.0000	0.0000	undef	undef
	Prostata	0.0022	0.0000	undef	0.0000
	Uterus_Endometrium	0.0000	0.0000	undef	undef
25	Uterus_Myometrium	0.0000	0.0000	undef	undef
	Uterus_allgemein	0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust-Hyperplasie	0.0000			
	Prostata-Hyperplasie	0.0000			
	Samenblase	0.0000			
30	Sinnesorgane	0.0000			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0026			
	Zervix	0.0106			
35		FOETUS			
		%Haeufigkeit			
	Entwicklung	0.0000			
	Gastrointestinal	0.0000			
	Gehirn	0.0000			
40	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut	0.0000			
	Hepatisch	0.0000			
	Herz-Blutgefasse	0.0000			
	Lunge	0.0000			
45	Nebenniere	0.0254			
	Niere	0.0062			
	Placenta	0.0000			
	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
50					
		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN			
		%Haeufigkeit			
	Brust	0.0000			
55	Eierstock_n	0.0000			
	Eierstock_t	0.0000			
	Endokrines_Gewebe	0.0000			
	Foetal	0.0006			
	Gastrointestinal	0.0000			
60	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut-Muskel	0.0000			
	Hoden	0.0000			
	Lunge	0.0000			
	Nerven	0.0070			
65	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
	Uterus_n	0.0000			

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 121

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0273	0.0051	5.3391	0.1873
	Brust	0.0000	0.0000	undef	undef
	Duendarm	0.0031	0.0000	undef	0.0000
	Eierstock	0.0030	0.0000	undef	0.0000
	Endokrines_Gewebe	0.0000	0.0025	0.0000	undef
10	Gastrointestinal	0.0038	0.0000	undef	0.0000
	Gehirn	0.0059	0.0041	1.4399	0.6945
	Haematopoetisch	0.0013	0.0000	undef	0.0000
	Haut	0.0000	0.0000	undef	undef
	Hepatisch	0.0048	0.0000	undef	0.0000
15	Herz	0.0032	0.0000	undef	0.0000
	Hoden	0.0000	0.0117	0.0000	undef
	Lunge	0.0052	0.0000	undef	0.0000
	Magen-Speiserohre	0.0000	0.0077	0.0000	undef
	Muskel-Skelett	0.0000	0.0000	undef	undef
20	Niere	0.0000	0.0000	undef	undef
	Pankreas	0.0017	0.0000	undef	0.0000
	Penis	0.0150	0.0000	undef	0.0000
	Prostata	0.0109	0.0085	1.2795	0.7815
	Uterus_Endometrium	0.0000	0.0000	undef	undef
25	Uterus_Myometrium	0.0076	0.0000	undef	0.0000
	Uterus_allgemein	0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust-Hyperplasie	0.0000			
	Prostata-Hyperplasie	0.0000			
	Samenblase	0.0089			
30	Sinnesorgane	0.0000			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0000			
	Zervix	0.0000			
35		FOETUS			
		%Haeufigkeit			
	Entwicklung	0.0000			
	Gastrointestinal	0.0028			
	Gehirn	0.0000			
40	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut	0.0000			
	Hepatisch	0.0000			
	Herz-Blutgefuesse	0.0036			
	Lunge	0.0036			
45	Nebenniere	0.0000			
	Niere	0.0000			
	Placenta	0.0000			
	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
50					
		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN			
		%Haeufigkeit			
	Brust	0.0136			
55	Eierstock_n	0.1595			
	Eierstock_t	0.0051			
	Endokrines_Gewebe	0.0245			
	Foetal	0.0035			
	Gastrointestinal	0.0000			
60	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut-Muskel	0.0032			
	Hoden	0.0077			
	Lunge	0.0000			
	Nerven	0.0030			
65	Prostata	0.0068			
	Sinnesorgane	0.0000			
	Uterus_n	0.0167			

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 122

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0351	0.0077	4.5763	0.2185
	Brust	0.0077	0.0038	2.0416	0.4898
	Duennndarm	0.0184	0.0000	undef	0.0000
	Eierstock	0.0000	0.0000	undef	undef
	Endokrines_Gewebe	0.0017	0.0000	undef	0.0000
10	Gastrointestinal	0.0115	0.0093	1.2425	0.8048
	Gehirn	0.0030	0.0021	1.4399	0.6945
	Haematopoetisch	0.0013	0.0000	undef	0.0000
	Haut	0.0073	0.0000	undef	0.0000
	Hepatisch	0.0095	0.0000	undef	0.0000
15	Herz	0.0233	0.0000	undef	0.0000
	Hoden	0.0058	0.0000	undef	0.0000
	Lunge	0.0021	0.0000	undef	0.0000
	Magen-Speiserohre	0.0000	0.0077	0.0000	undef
	Muskel-Skelett	0.0103	0.0000	undef	0.0000
20	Niere	0.0054	0.0000	undef	0.0000
	Pankreas	0.0000	0.0055	0.0000	undef
	Penis	0.0599	0.0000	undef	0.0000
	Prostata	0.0131	0.0149	0.8774	1.1397
	Uterus_Endometrium	0.0068	0.0000	undef	0.0000
25	Uterus_Myometrium	0.0152	0.0340	0.4489	2.2276
	Uterus_allgemein	0.0407	0.0000	undef	0.0000
	Brust-Hyperplasie	0.0064			
	Prostata-Hyperplasie	0.0059			
	Samenblase	0.0178			
30	Sinnesorgane	0.0118			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0000			
	Zervix	0.0000			
35		FOETUS			
		%Haeufigkeit			
	Entwicklung	0.0278			
	Gastrointestinal	0.0139			
	Gehirn	0.0000			
40	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut	0.0000			
	Hepatisch	0.0000			
	Herz-Blutgefuesse	0.0391			
	Lunge	0.0000			
45	Nebenniere	0.0254			
	Niere	0.0000			
	Placenta	0.0061			
	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
50					
		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN			
		%Haeufigkeit			
	Brust	0.0136			
55	Eierstock_n	0.0000			
	Eierstock_t	0.0152			
	Endokrines_Gewebe	0.0000			
	Foetal	0.0052			
	Gastrointestinal	0.0122			
60	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut-Muskel	0.0032			
	Hoden	0.0000			
	Lunge	0.0000			
	Nerven	0.0060			
65	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0077			
	Uterus_n	0.0083			

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 123

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0390	0.0051	7.6272	0.1311
	Brust	0.0064	0.0056	1.1342	0.8817
	Duenn darm	0.0184	0.0000	undef	0.0000
	Eierstock	0.0060	0.0000	undef	0.0000
	Endokrines Gewebe	0.0017	0.0050	0.3396	2.9444
10	Gastrointestinal	0.0057	0.0000	undef	0.0000
	Gehirn	0.0007	0.0021	0.3600	2.7779
	Haematopoetisch	0.0040	0.0000	undef	0.0000
	Haut	0.0073	0.0000	undef	0.0000
	Hepatisch	0.0000	0.0000	undef	undef
15	Herz	0.0095	0.0000	undef	0.0000
	Hoden	0.0000	0.0000	undef	undef
	Lunge	0.0021	0.0020	1.0161	0.9842
	Magen-Speiserohre	0.0193	0.0077	2.5211	0.3967
	Muskel-Skelett	0.0154	0.0060	2.5700	0.3891
20	Niere	0.0054	0.0000	undef	0.0000
	Pankreas	0.0000	0.0055	0.0000	undef
	Penis	0.0210	0.0000	undef	0.0000
	Prostata	0.0044	0.0000	undef	0.0000
	Uterus_Endometrium	0.0203	0.0000	undef	0.0000
25	Uterus_Myometrium	0.0152	0.0272	0.5611	1.7821
	Uterus_aligemein	0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust-Hyperplasie	0.0128			
	Prostata-Hyperplasie	0.0059			
	Samenblase	0.0000			
30	Sinnesorgane	0.0000			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0017			
	Zervix	0.0000			
35		FOETUS			
		%Haeufigkeit			
	Entwicklung	0.0139			
	Gastrointestinal	0.0083			
	Gehirn	0.0000			
40	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut	0.0000			
	Hepatisch	0.0000			
	Herz-Blutgefuesse	0.0142			
	Lunge	0.0000			
45	Nebenniere	0.0000			
	Niere	0.0000			
	Placenta	0.0000			
	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
50					
		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN			
		%Haeufigkeit			
	Brust	0.0000			
55	Eierstock_n	0.0000			
	Eierstock_t	0.0000			
	Endokrines Gewebe	0.0000			
	Foetal	0.0012			
	Gastrointestinal	0.0122			
60	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut-Muskel	0.0065			
	Hoden	0.0000			
	Lunge	0.0082			
	Nerven	0.0000			
65	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
	Uterus_n	0.0083			

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 124

		NORMAL %Haeufigkeit	TUMOR %Haeufigkeit	Verhaeltnisse	
				N/T	T/N
5	Blase	0.0195	0.0026	7.6272	0.1311
	Brust	0.0013	0.0019	0.6805	1.4694
	Duennndarm	0.0031	0.0000	undef	0.0000
	Eierstock	0.0000	0.0026	0.0000	undef
	Endokrines_Gewebe	0.0017	0.0050	0.3396	2.9444
10	Gastrointestinal	0.0057	0.0000	undef	0.0000
	Gehirn	0.0022	0.0021	1.0799	0.9260
	Haematopoetisch	0.0000	0.0379	0.0000	undef
	Haut	0.0000	0.0000	undef	undef
	Hepatisch	0.0000	0.0000	undef	undef
15	Herz	0.0011	0.0000	undef	0.0000
	Hoden	0.0000	0.0000	undef	undef
	Lunge	0.0010	0.0000	undef	0.0000
	Magen-Speiserohre	0.0000	0.0000	undef	undef
	Muskel-Skelett	0.0000	0.0060	0.0000	undef
20	Niere	0.0109	0.0000	undef	0.0000
	Pankreas	0.0000	0.0000	undef	undef
	Penis	0.0000	0.0000	undef	undef
	Prostata	0.0087	0.0043	2.0473	0.4885
	Uterus_Endometrium	0.0000	0.0000	undef	undef
25	Uterus_Myometrium	0.0000	0.0068	0.0000	undef
	Uterus_allgemein	0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust-Hyperplasie	0.0000			
	Prostata-Hyperplasie	0.0059			
	Samenblase	0.0000			
30	Sinnesorgane	0.0000			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0009			
	Zervix	0.0000			
35					
40					
45					
50					
55					
60					
65					

NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN
%Haeufigkeit

55	Brust	0.0000
	Eierstock_n	0.0000
	Eierstock_t	0.0000
	Endokrines_Gewebe	0.0000
	Foetal	0.0006
60	Gastrointestinal	0.0000
	Haematopoetisch	0.0000
	Haut-Muskel	0.0162
	Hoden	0.0000
	Lunge	0.0000
65	Nerven	0.0040
	Prostata	0.0000
	Sinnesorgane	0.0000
	Uterus_n	0.0000

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 125

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0390	0.0051	7.6272	0.1311
	Brust	0.0153	0.0150	1.0208	0.9796
	Duenn darm	0.0245	0.0000	undef	0.0000
	Eierstock	0.0210	0.0078	2.6863	0.3723
	Endokrines_Gewebe	0.0170	0.0125	1.3585	0.7361
10	Gastrointestinal	0.0153	0.0000	undef	0.0000
	Gehirn	0.0126	0.0133	0.9415	1.0622
	Haematopoetisch	0.0067	0.0000	undef	0.0000
	Haut	0.0073	0.0000	undef	0.0000
	Hepatisch	0.0000	0.0129	0.0000	undef
15	Herz	0.0127	0.0000	undef	0.0000
	Hoden	0.0115	0.0117	0.9839	1.0163
	Lunge	0.0114	0.0143	0.7983	1.2526
	Magen-Speiserohre	0.0097	0.0307	0.3151	3.1733
	Muskel-Skelett	0.0034	0.0060	0.5711	1.7510
20	Niere	0.0326	0.0274	1.1896	0.8406
	Pankreas	0.0033	0.0166	0.1994	5.0142
	Penis	0.0629	0.0000	undef	0.0000
	Prostata	0.0109	0.0170	0.6398	1.5631
	Uterus_Endometrium	0.0203	0.0000	undef	0.0000
25	Uterus_Myometrium	0.0305	0.0068	4.4891	0.2228
	Uterus_allgemein	0.0255	0.0000	undef	0.0000
	Brust-Hyperplasie	0.0256			
	Prostata-Hyperplasie	0.0208			
	Samenblase	0.0178			
30	Sinnesorgane	0.0000			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0191			
	Zervix	0.0106			
35		FOETUS			
		%Haeufigkeit			
	Entwicklung	0.0000			
	Gastrointestinal	0.0111			
	Gehirn	0.0063			
40	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut	0.0000			
	Hepatisch	0.0000			
	Herz-Blutgefuesse	0.0036			
	Lunge	0.0072			
45	Nebenniere	0.0254			
	Niere	0.0062			
	Placenta	0.0000			
	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0126			
50					
		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN			
		%Haeufigkeit			
	Brust	0.0000			
55	Eierstock_n	0.0000			
	Eierstock_t	0.0051			
	Endokrines_Gewebe	0.0000			
	Foetal	0.0076			
	Gastrointestinal	0.0000			
60	Haematopoetisch	0.0057			
	Haut-Muskel	0.0162			
	Hoden	0.0077			
	Lunge	0.0082			
	Nerven	0.0120			
65	Prostata	0.0205			
	Sinnesorgane	0.0000			
	Uterus_n	0.0749			

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 126

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0156	0.0000	undef	0.0000
	Brust	0.0051	0.0056	0.9074	1.1021
	Duenn darm	0.0184	0.0000	undef	0.0000
	Eierstock	0.0060	0.0104	0.5756	1.7372
	Endokrines_Gewebe	0.0085	0.0075	1.1321	0.8833
10	Gastrointestinal	0.0096	0.0000	undef	0.0000
	Gehirn	0.0059	0.0154	0.3840	2.6043
	Haematopoetisch	0.0080	0.0000	undef	0.0000
	Haut	0.0073	0.0000	undef	0.0000
	Hepatisch	0.0095	0.0129	0.7353	1.3600
15	Herz	0.0201	0.0137	1.4649	0.6827
	Hoden	0.0058	0.0000	undef	0.0000
	Lunge	0.0145	0.0164	0.8891	1.1248
	Magen-Speiserohre	0.0000	0.0230	0.0000	undef
	Muskel-Skelett	0.0017	0.0300	0.0571	17.5100
20	Niere	0.0217	0.0068	3.1722	0.3152
	Pankreas	0.0050	0.0000	undef	0.0000
	Penis	0.0210	0.0000	undef	0.0000
	Prostata	0.0065	0.0021	3.0709	0.3256
	Uterus_Endometrium	0.0135	0.0000	undef	0.0000
25	Uterus_Myometrium	0.0457	0.0204	2.2445	0.4455
	Uterus_allgemein	0.0153	0.0000	undef	0.0000
	Brust-Hyperplasie	0.0096			
	Prostata-Hyperplasie	0.0000			
	Samenblase	0.0000			
30	Sinnesorgane	0.0470			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0121			
	Zervix	0.0213			
35		FOETUS			
		%Haeufigkeit			
	Entwicklung	0.0139			
	Gastrointestinal	0.0056			
	Gehirn	0.0000			
40	Haematopoetisch	0.0157			
	Haut	0.0000			
	Hepatisch	0.0000			
	Herz-Blutgefuesse	0.0213			
	Lunge	0.0217			
45	Nebenniere	0.0254			
	Niere	0.0185			
	Placenta	0.0121			
	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
50					
		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN			
		%Haeufigkeit			
	Brust	0.0068			
55	Eierstock_n	0.0000			
	Eierstock_t	0.0101			
	Endokrines_Gewebe	0.0000			
	Foetal	0.0210			
	Gastrointestinal	0.0122			
60	Haematopoetisch	0.0057			
	Haut-Muskel	0.0259			
	Hoden	0.0000			
	Lunge	0.0000			
	Nerven	0.0020			
65	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0387			
	Uterus_n	0.0000			

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 127

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0156	0.0000	undef	0.0000
	Brust	0.0090	0.0019	4.7637	0.2099
	Duennndarm	0.0000	0.0000	undef	undef
	Eierstock	0.0240	0.0000	undef	0.0000
	Endokrines_Gewebe	0.0017	0.0025	0.6792	1.4722
10	Gastrointestinal	0.0000	0.0046	0.0000	undef
	Gehirn	0.0037	0.0010	3.5998	0.2778
	Haematopoetisch	0.0000	0.0000	undef	undef
	Haut	0.0037	0.0000	undef	0.0000
	Hepatisch	0.0000	0.0000	undef	undef
15	Herz	0.0074	0.0000	undef	0.0000
	Hoden	0.0058	0.0234	0.2460	4.0652
	Lunge	0.0010	0.0061	0.1693	5.9051
	Magen-Speiseroehre	0.0000	0.0000	undef	undef
	Muskel-Skelett	0.0000	0.0060	0.0000	undef
20	Niere	0.0027	0.0000	undef	0.0000
	Pankreas	0.0017	0.0110	0.1496	6.6857
	Penis	0.0090	0.0000	undef	0.0000
	Prostata	0.0044	0.0064	0.6824	1.4654
	Uterus_Endometrium	0.0000	0.0000	undef	undef
25	Uterus_Myometrium	0.0229	0.0136	1.6834	0.5940
	Uterus_allgemein	0.0102	0.0000	undef	0.0000
	Brust-Hyperplasie	0.0032			
	Prostata-Hyperplasie	0.0119			
	Samenblase	0.0267			
30	Sinnesorgane	0.0000			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0017			
	Zervix	0.0000			
35	FOETUS				
	%Haeufigkeit				
	Entwicklung	0.0139			
	Gastrointestinal	0.0000			
	Gehirn	0.0000			
40	Haematopoetisch	0.0079			
	Haut	0.0000			
	Hepatisch	0.0000			
	Herz-Blutgefuesse	0.0071			
	Lunge	0.0036			
45	Nebenniere	0.0000			
	Niere	0.0000			
	Placenta	0.0000			
	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
50					
55	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN				
	%Haeufigkeit				
	Brust	0.0000			
	Eierstock_n	0.0000			
	Eierstock_t	0.0000			
60	Endokrines_Gewebe	0.0000			
	Foetal	0.0000			
	Gastrointestinal	0.0122			
	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut-Muskel	0.0000			
65	Hoden	0.0000			
	Lunge	0.0082			
	Nerven	0.0010			
	Prostata	0.0205			
	Sinnesorgane	0.0000			
	Uterus_n	0.0042			

Elektronischer Northern fuer Seq-ID: 391

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	B_Lymphom	0.0025	0.0000	undef	0.0000
	Blase	0.0312	0.0000	undef	0.0000
	Brust	0.0079	0.0056	1.4090	0.7097
	Dickdarm	0.0077	0.0000	undef	0.0000
	Duennndarm	0.0027	0.0107	0.2577	3.8812
10	Eierstock	0.0030	0.0072	0.4148	2.4109
	Endokrines_Gewebe	0.0048	0.0089	0.5432	1.8409
	Gehirn	0.0029	0.0080	0.3627	2.7574
	Haut	0.0000	0.0000	undef	undef
	Hepatisch	0.0093	0.0000	undef	0.0000
15	Herz	0.0020	0.0000	undef	0.0000
	Hoden	0.0000	0.0118	0.0000	undef
	Lunge	0.0010	0.0037	0.2631	3.8007
	Magen-Speiserohre	0.0217	0.0000	undef	0.0000
	Muskel-Skelett	0.0034	0.0000	undef	0.0000
20	Niere	0.0045	0.0048	0.9285	1.0770
	Pankreas	0.0017	0.0055	0.2992	3.3427
	Prostata	0.0066	0.0039	1.6882	0.5923
	T_Lymphom	0.0025	0.0149	0.1691	5.9152
	Uterus	0.0030	0.0046	0.6426	1.5563
25	Weisse_Blutkoerperchen	0.0021	0.0000	undef	0.0000
	Haematopoetisch	0.0000			
	Penis	0.0134			
	Samenblase	0.0070			
	Sinnesorgane	0.0000			
30		FOETUS			
		%Haeufigkeit			
	Entwicklung	0.0278			
	Gastrointestinal	0.0000			
35	Gehirn	0.0188			
	Haematopoetisch	0.0079			
	Haut	0.0000			
	Hepatisch	0.0260			
	Herz-Blutgefuesse	0.0071			
40	Lunge	0.0000			
	Nebenniere	0.0000			
	Niere	0.0000			
	Placenta	0.0000			
	Prostata	0.0000			
45	Sinnesorgane	0.0126			
		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN			
		%Haeufigkeit			
	Brust	0.0000			
50	Brust_t	0.0000			
	Dickdarm_t	0.0000			
	Eierstock_n	0.0000			
	Eierstock_t	0.0000			
	Endokrines_Gewebe	0.0245			
55	Foetal	0.0064			
	Gastrointestinal	0.0000			
	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut-Muskel	0.0065			
	Hoden_n	0.0167			
60	Hoden_t	0.0000			
	Lunge_n	0.0000			
	Lunge_t	0.0000			
	Nerven	0.0060			
	Niere_t	0.0000			
65	Ovar_Uterus	0.0090			
	Prostata_n	0.0182			
	Sinnesorgane	0.0000			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0000			

Elektronischer Northern fuer Seq-ID: 392

		NORMAL		TUMOR		Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit		%Haeufigkeit		N/T	T/N
5	B_Lymphom	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	undef	undef
	Blase	0.0156	0.0000	0.0000	0.0000	undef	0.0000
	Brust	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	undef	undef
	Dickdarm	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	undef	undef
	Duenn darm	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	undef	undef
10	Eierstock	0.0059	0.0000	0.0000	0.0000	undef	0.0000
	Endokrines_Gewebe	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	undef	undef
	Gehirn	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	undef	undef
	Haut	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	undef	undef
	Hepatisch	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	undef	undef
15	Herz	0.0010	0.0000	0.0000	0.0000	undef	0.0000
	Hoden	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	undef	undef
	Lunge	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	undef	undef
	Magen-Speiserohre	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	undef	undef
	Muskel-Skelett	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	undef	undef
20	Niere	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	undef	undef
	Pankreas	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	undef	undef
	Prostata	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	undef	undef
	T_Lymphom	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	undef	undef
	Uterus	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	undef	undef
25	Weisse_Blutkoerperchen	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	undef	undef
	Haematopoetisch	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	undef	undef
	Penis	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	undef	undef
	Samenblase	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	undef	undef
	Sinnesorgane	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	undef	undef
30		FOETUS					
		%Haeufigkeit					
	Entwicklung	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	undef	undef
	Gastrointestinal	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	undef	undef
35	Gehirn	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	undef	undef
	Haematopoetisch	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	undef	undef
	Haut	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	undef	undef
	Hepatisch	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	undef	undef
	Herz-Blutgefuesse	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	undef	undef
40	Lunge	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	undef	undef
	Nebenniere	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	undef	undef
	Niere	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	undef	undef
	Placenta	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	undef	undef
	Prostata	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	undef	undef
45	Sinnesorgane	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	undef	undef
		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN					
		%Haeufigkeit					
50	Brust	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust_t	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	undef	undef
	Dickdarm_t	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	undef	undef
	Eierstock_n	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	undef	undef
	Eierstock_t	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	undef	undef
55	Endokrines_Gewebe	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	undef	undef
	Foetal	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	undef	undef
	Gastrointestinal	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	undef	undef
	Haematopoetisch	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	undef	undef
	Haut-Muskel	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	undef	undef
60	Hoden_n	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	undef	undef
	Hoden_t	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	undef	undef
	Lunge_n	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	undef	undef
	Lunge_t	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	undef	undef
	Nerven	0.0010	0.0000	0.0000	0.0000	undef	undef
65	Niere_t	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	undef	undef
	Ovar_Uterus	0.0023	0.0000	0.0000	0.0000	undef	undef
	Prostata_n	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	undef	undef
	Sinnesorgane	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	undef	undef
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	undef	undef

Elektronischer Northern fuer Seq-ID: 393

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	B_Lymphom	0.0075	0.0000	undef	0.0000
	Blase	0.0195	0.0000	undef	0.0000
	Brust	0.0009	0.0000	undef	0.0000
	Dickdarm	0.0057	0.0000	undef	0.0000
	Duennndarm	0.0000	0.0000	undef	undef
10	Eierstock	0.0000	0.0000	undef	undef
	Endokrines_Gewebe	0.0000	0.0000	undef	undef
	Gehirn	0.0000	0.0000	undef	undef
	Haut	0.0000	0.0000	undef	undef
	Hepatisch	0.0046	0.0000	undef	0.0000
15	Herz	0.0000	0.0000	undef	undef
	Hoden	0.0000	0.0000	undef	undef
	Lunge	0.0010	0.0000	undef	0.0000
	Magen-Speiserohre	0.0000	0.0000	undef	undef
	Muskel-Skelett	0.0034	0.0000	undef	0.0000
20	Niere	0.0000	0.0000	undef	undef
	Pankreas	0.0000	0.0055	0.0000	undef
	Prostata	0.0000	0.0000	undef	undef
	T_Lymphom	0.0000	0.0000	undef	undef
	Uterus	0.0000	0.0000	undef	undef
25	Weisse_Blutkoerperchen	0.0000	0.0000	undef	undef
	Haematopoetisch	0.0027			
	Penis	0.0000			
	Samenblase	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
30		FOETUS			
		%Haeufigkeit			
	Entwicklung	0.0000			
	Gastrointestinal	0.0000			
35	Gehirn	0.0063			
	Haematopoetisch	0.0039			
	Haut	0.0000			
	Hepatisch	0.0000			
	Herz-Blutgefuesse	0.0000			
40	Lunge	0.0000			
	Nebenniere	0.0000			
	Niere	0.0000			
	Placenta	0.0061			
	Prostata	0.0000			
45	Sinnesorgane	0.0000			
		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN			
		%Haeufigkeit			
50	Brust	0.0000			
	Brust_t	0.0000			
	Dickdarm_t	0.0000			
	Eierstock_n	0.0000			
	Eierstock_t	0.0000			
55	Endokrines_Gewebe	0.0000			
	Foetal	0.0029			
	Gastrointestinal	0.0000			
	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut-Muskel	0.0000			
60	Hoden_n	0.0042			
	Hoden_t	0.0000			
	Lunge_n	0.0000			
	Lunge_t	0.0000			
	Nerven	0.0020			
65	Niere_t	0.0000			
	Ovar_Uterus	0.0045			
	Prostata_n	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0000			

Elektronischer Northern fuer Seq-ID: 394

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	B_Lymphom	0.0000	0.0136	0.0000	undef
	Blase	0.0156	0.0023	6.6380	0.1506
	Brust	0.0035	0.0042	0.8349	1.1977
	Dickdarm	0.0038	0.0199	0.1922	5.2023
	Duenn darm	0.0000	0.0000	undef	undef
10	Eierstock	0.0059	0.0024	2.4887	0.4018
	Endokrines_Gewebe	0.0080	0.0000	undef	0.0000
	Gehirn	0.0023	0.0040	0.5803	1.7234
	Haut	0.0073	0.0000	undef	0.0000
	Hepatisch	0.0000	0.0000	undef	undef
15	Herz	0.0030	0.0000	undef	0.0000
	Hoden	0.0000	0.0059	0.0000	undef
	Lunge	0.0019	0.0055	0.3508	2.8506
	Magen-Speiseroehre	0.0072	0.0000	undef	0.0000
	Muskel-Skelett	0.0017	0.0000	undef	0.0000
20	Niere	0.0045	0.0048	0.9285	1.0770
	Pankreas	0.0033	0.0110	0.2992	3.3427
	Prostata	0.0057	0.0026	2.1706	0.4607
	T_Lymphom	0.0051	0.0149	0.3381	2.9576
	Uterus	0.0015	0.0000	undef	0.0000
25	Weisse_Blutkoerperchen	0.0021	0.0304	0.0676	14.7861
	Haematopoetisch	0.0013			
	Penis	0.0054			
	Samenblase	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0118			
30					
		FOETUS			
		%Haeufigkeit			
	Entwicklung	0.0000			
	Gastrointestinal	0.0028			
35	Gehirn	0.0000			
	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut	0.0000			
	Hepatisch	0.0000			
	Herz-Blutgefuesse	0.0000			
40	Lunge	0.0036			
	Nebenniere	0.0000			
	Niere	0.0062			
	Placenta	0.0000			
	Prostata	0.0000			
45	Sinnesorgane	0.0000			
		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN			
		%Haeufigkeit			
50	Brust	0.0136			
	Brust_t	0.0000			
	Dickdarm_t	0.0000			
	Eierstock_n	0.0000			
	Eierstock_t	0.0051			
55	Endokrines_Gewebe	0.0000			
	Foetal	0.0017			
	Gastrointestinal	0.0122			
	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut-Muskel	0.0000			
60	Hoden_n	0.0000			
	Hoden_t	0.0000			
	Lunge_n	0.0293			
	Lunge_t	0.0000			
	Nerven	0.0040			
65	Niere_t	0.0000			
	Ovar_Uterus	0.0068			
	Prostata_n	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0000			

Elektronischer Northern fuer Seq-ID: 395

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	B_Lymphom	0.0000	0.0000	undef	undef
	Blase	0.0156	0.0047	3.3192	0.3013
	Brust	0.0062	0.0183	0.3372	2.9657
	Dickdarm	0.0019	0.0114	0.1682	5.9454
	Duenn darm	0.0000	0.0107	0.0000	undef
10	Eierstock	0.0030	0.0072	0.4148	2.4110
	Endokrines_Gewebe	0.0000	0.0000	undef	undef
	Gehirn	0.0006	0.0010	0.6045	1.6542
	Haut	0.0073	0.0000	undef	0.0000
	Hepatisch	0.0000	0.0190	0.0000	undef
15	Herz	0.0020	0.0962	0.0211	47.4018
	Hoden	0.0000	0.0000	undef	undef
	Lunge	0.0039	0.0111	0.3508	2.8506
	Magen-Speiserohre	0.0000	0.0000	undef	undef
	Muskel-Skelett	0.0171	0.0037	4.6389	0.2156
20	Niere	0.0045	0.0000	undef	0.0000
	Pankreas	0.0000	0.0110	0.0000	undef
	Prostata	0.0000	0.0052	0.0000	undef
	T_Lymphom	0.0025	0.0000	undef	0.0000
	Uterus	0.0015	0.0000	undef	0.0000
25	Weisse_Blutkoerperchen	0.0000	0.0000	undef	undef
	Haematopoetisch	0.0013			
	Penis	0.0054			
	Samenblase	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
30					
		FOETUS			
		%Haeufigkeit			
	Entwicklung	0.0278			
	Gastrointestinal	0.0056			
35	Gehirn	0.0063			
	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut	0.0000			
	Hepatisch	0.0000			
	Herz-Blutgefuesse	0.0071			
40	Lunge	0.0000			
	Nebenniere	0.0000			
	Niere	0.0000			
	Placenta	0.0000			
	Prostata	0.0000			
45	Sinnesorgane	0.0000			
		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN			
		%Haeufigkeit			
50	Brust	0.0000			
	Brust_t	0.0000			
	Dickdarm_t	0.0000			
	Eierstock_n	0.0000			
	Eierstock_t	0.0152			
55	Endokrines_Gewebe	0.0000			
	Foetal	0.0006			
	Gastrointestinal	0.0000			
	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut-Muskel	0.0000			
60	Hoden_n	0.0000			
	Hoden_t	0.0000			
	Lunge_n	0.0000			
	Lunge_t	0.0000			
	Nerven	0.0000			
65	Niere_t	0.0000			
	Ovar_Uterus	0.0113			
	Prostata_n	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0000			

Elektronischer Northern fuer Seq-ID: 396

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	B_Lymphom	0.0000	0.0136	0.0000	undef
	Blase	0.0429	0.0000	undef	0.0000
	Brust	0.0000	0.0042	0.0000	undef
	Dickdarm	0.0038	0.0000	undef	0.0000
	Duenn darm	0.0000	0.0000	undef	undef
10	Eierstock	0.0000	0.0000	undef	undef
	Endokrines_Gewebe	0.0032	0.0000	undef	0.0000
	Gehirn	0.0012	0.0010	1.1605	0.8617
	Haut	0.0037	0.0000	undef	0.0000
	Hepatisch	0.0046	0.0000	undef	0.0000
15	Herz	0.0061	0.0000	undef	0.0000
	Hoden	0.0000	0.0000	undef	undef
	Lunge	0.0000	0.0055	0.0000	undef
	Magen-Speiserohre	0.0000	0.0064	0.0000	undef
	Muskel-Skelett	0.0017	0.0037	0.4639	2.1557
20	Niere	0.0045	0.0000	undef	0.0000
	Pankreas	0.0017	0.0000	undef	0.0000
	Prostata	0.0009	0.0026	0.3618	2.7643
	T_Lymphom	0.0000	0.0000	undef	undef
	Uterus	0.0030	0.0000	undef	0.0000
25	Weisse_Blutkoerperchen	0.0007	0.0000	undef	0.0000
	Haematopoetisch	0.0000			
	Penis	0.0054			
	Samenblase	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
30					
		FOETUS			
		%Haeufigkeit			
	Entwicklung	0.0000			
	Gastrointestinal	0.0000			
35	Gehirn	0.0000			
	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut	0.0000			
	Hepatisch	0.0000			
	Herz-Blutgefuesse	0.0036			
40	Lunge	0.0000			
	Nebenniere	0.0000			
	Niere	0.0000			
	Placenta	0.0000			
	Prostata	0.0249			
45	Sinnesorgane	0.0000			
		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN			
		%Haeufigkeit			
50	Brust	0.0000			
	Brust_t	0.0000			
	Dickdarm_t	0.0000			
	Eierstock_n	0.0000			
	Eierstock_t	0.0000			
55	Endokrines_Gewebe	0.0000			
	Foetal	0.0075			
	Gastrointestinal	0.0000			
	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut-Muskel	0.0000			
60	Hoden_n	0.0084			
	Hoden_t	0.0000			
	Lunge_n	0.0098			
	Lunge_t	0.0000			
	Nerven	0.0070			
65	Niere_t	0.0000			
	Ovar_Uterus	0.0000			
	Prostata_n	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0077			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0000			

Elektronischer Northern fuer Seq-ID: 397

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	B_Lymphom	0.0025	0.0000	undef	0.0000
	Blase	0.0117	0.0000	undef	0.0000
	Brust	0.0009	0.0000	undef	0.0000
	Dickdarm	0.0000	0.0000	undef	undef
	Duenn darm	0.0000	0.0000	undef	undef
10	Eierstock	0.0030	0.0000	undef	0.0000
	Endokrines_Gewebe	0.0048	0.0000	undef	0.0000
	Gehirn	0.0006	0.0000	undef	0.0000
	Haut	0.0000	0.0000	undef	undef
	Hepatisch	0.0000	0.0063	0.0000	undef
15	Herz	0.0010	0.0000	undef	0.0000
	Hoden	0.0000	0.0000	undef	undef
	Lunge	0.0019	0.0018	1.0524	0.9502
	Magen-Speiseroehre	0.0000	0.0000	undef	undef
	Muskel-Skelett	0.0000	0.0000	undef	undef
20	Niere	0.0000	0.0000	undef	undef
	Pankreas	0.0000	0.0000	undef	undef
	Prostata	0.0009	0.0026	0.3618	2.7643
	T_Lymphom	0.0000	0.0000	undef	undef
	Uterus	0.0000	0.0000	undef	undef
25	Weisse_Blutkoerperchen	0.0007	0.0000	undef	0.0000
	Haematopoetisch	0.0000			
	Penis	0.0000			
	Samenblase	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
30		FOETUS			
		%Haeufigkeit			
	Entwicklung	0.0000			
	Gastrointestinal	0.0028			
35	Gehirn	0.0000			
	Haematopoetisch	0.0039			
	Haut	0.0000			
	Hepatisch	0.0000			
	Herz-Blutgefuesse	0.0000			
40	Lunge	0.0000			
	Nebenniere	0.0000			
	Niere	0.0062			
	Placenta	0.0000			
	Prostata	0.0000			
45	Sinnesorgane	0.0000			
		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN			
		%Haeufigkeit			
50	Brust	0.0068			
	Brust_t	0.0000			
	Dickdarm_t	0.0000			
	Eierstock_n	0.0000			
	Eierstock_t	0.0051			
55	Endokrines_Gewebe	0.0000			
	Foetal	0.0070			
	Gastrointestinal	0.0122			
	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut-Muskel	0.0000			
60	Hoden_n	0.0293			
	Hoden_t	0.0000			
	Lunge_n	0.0000			
	Lunge_t	0.0000			
	Nerven	0.0000			
65	Niere_t	0.0000			
	Ovar_Uterus	0.0135			
	Prostata_n	0.0061			
	Sinnesorgane	0.0000			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0000			

Elektronischer Northern fuer Seq-ID: 398

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	B_Lymphom	0.0025	0.0000	undef	0.0000
	Blase	0.0156	0.0023	6.6384	0.1506
	Brust	0.0053	0.0042	1.2524	0.7985
	Dickdarm	0.0000	0.0028	0.0000	undef
	Duenn darm	0.0027	0.0000	undef	0.0000
10	Eierstock	0.0030	0.0024	1.2443	0.8037
	Endokrines Gewebe	0.0000	0.0057	0.0000	undef
	Gehirn	0.0024	0.0060	0.4030	2.4814
	Haut	0.0000	0.0000	undef	undef
	Hepatisch	0.0000	0.0000	undef	undef
15	Herz	0.0030	0.0137	0.2215	4.5145
	Hoden	0.0080	0.0000	undef	0.0000
	Lunge	0.0068	0.0037	1.8417	0.5430
	Magen-Speiserohre	0.0000	0.0000	undef	undef
	Muskel-Skelett	0.0034	0.0000	undef	0.0000
20	Niere	0.0022	0.0000	undef	0.0000
	Pankreas	0.0000	0.0055	0.0000	undef
	Prostata	0.0028	0.0026	1.0853	0.9214
	T_Lymphom	0.0000	0.0000	undef	undef
	Uterus	0.0000	0.0092	0.0000	undef
25	Weisse Blutkoerperchen	0.0082	0.0000	undef	0.0000
	Haematopoetisch	0.0013			
	Penis	0.0054			
	Samenblase	0.0070			
	Sinnesorgane	0.0000			
30					
		FOETUS			
		%Haeufigkeit			
	Entwicklung	0.0000			
35	Gastrointestinal	0.0028			
	Gehirn	0.0000			
	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut	0.0000			
	Hepatisch	0.0000			
40	Herz-Blutgefuesse	0.0036			
	Lunge	0.0000			
	Nebenniere	0.0000			
	Niere	0.0000			
	Placenta	0.0000			
45	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN			
		%Haeufigkeit			
50	Brust	0.0068			
	Brust_t	0.0000			
	Dickdarm_t	0.0000			
	Eierstock_n	0.0000			
	Eierstock_t	0.0000			
55	Endokrines Gewebe	0.0000			
	Foetal	0.0006			
	Gastrointestinal	0.0122			
	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut-Muskel	0.0065			
60	Hoden_n	0.0000			
	Hoden_t	0.0000			
	Lunge_n	0.0000			
	Lunge_t	0.0000			
	Nerven	0.0030			
65	Niere_t	0.0000			
	Ovar_Uterus	0.0090			
	Prostata_n	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
	Weisse Blutkoerperchen	0.0000			

Elektronischer Northern fuer Seq-ID: 399

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	B_Lymphom	0.0000	0.0136	0.0000	undef
	Blase	0.0234	0.0047	4.9788	0.2009
	Brust	0.0070	0.0098	0.7157	1.3973
	Dickdarm	0.0057	0.0085	0.6728	1.4864
	Duenn darm	0.0110	0.0000	undef	0.0000
10	Eierstock	0.0059	0.0000	undef	0.0000
	Endokrines_Gewebe	0.0032	0.0038	0.8479	1.1794
	Gehirn	0.0018	0.0020	0.9068	1.1028
	Haut	0.0073	0.0000	undef	0.0000
	Hepatisch	0.0046	0.0190	0.2441	4.0960
15	Herz	0.0081	0.0000	undef	0.0000
	Hoden	0.0040	0.0000	undef	0.0000
	Lunge	0.0068	0.0018	3.6834	0.2715
	Magen-Speiserohre	0.0072	0.0064	1.1333	0.8824
	Muskel-Skelett	0.0069	0.0000	undef	0.0000
20	Niere	0.0067	0.0096	0.6963	1.4362
	Pankreas	0.0033	0.0221	0.1496	6.6857
	Prostata	0.0094	0.0052	1.8088	0.5529
	T_Lymphom	0.0000	0.0000	undef	undef
	Uterus	0.0093	0.0000	undef	0.0000
25	Weisse_Blutkoerperchen	0.0068	0.0000	undef	0.0000
	Haematopoetisch	0.0000			
	Penis	0.0134			
	Samenblase	0.0070			
	Sinnesorgane	0.0118			
30		FOETUS			
		%Haeufigkeit			
	Entwicklung	0.0139			
	Gastrointestinal	0.0111			
35	Gehirn	0.0000			
	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut	0.0000			
	Hepatisch	0.0000			
	Herz-Blutgefuesse	0.0000			
40	Lunge	0.0145			
	Nebenniere	0.0000			
	Niere	0.0000			
	Placenta	0.0000			
	Prostata	0.0000			
45	Sinnesorgane	0.0000			
		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN			
		%Haeufigkeit			
50	Brust	0.0408			
	Brust_t	0.0000			
	Dickdarm_t	0.0000			
	Eierstock_n	0.1595			
	Eierstock_t	0.0101			
55	Endokrines_Gewebe	0.0000			
	Foetal	0.0046			
	Gastrointestinal	0.0122			
	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut-Muskel	0.0130			
60	Hoden_n	0.0125			
	Hoden_t	0.0000			
	Lunge_n	0.0098			
	Lunge_t	0.0000			
	Nerven	0.0000			
65	Niere_t	0.0000			
	Ovar_Uterus	0.0068			
	Prostata_n	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0000			

Elektronischer Northern fuer Seq-ID: 400

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	B_Lymphom	0.0000	0.0136	0.0000	undef
	Blase	0.0156	0.0000	undef	0.0000
	Brust	0.0018	0.0000	undef	0.0000
	Dickdarm	0.0000	0.0000	undef	undef
	Duenn darm	0.0000	0.0000	undef	undef
10	Eierstock	0.0000	0.0000	undef	undef
	Endokrines_Gewebe	0.0016	0.0019	0.8479	1.1794
	Gehirn	0.0018	0.0010	1.8135	0.5514
	Haut	0.0073	0.0000	undef	0.0000
	Hepatisch	0.0046	0.0000	undef	0.0000
15	Herz	0.0020	0.0000	undef	0.0000
	Hoden	0.0040	0.0000	undef	0.0000
	Lunge	0.0000	0.0000	undef	undef
	Magen-Speiserohre	0.0000	0.0000	undef	undef
	Muskel-Skelett	0.0000	0.0000	undef	undef
20	Niere	0.0000	0.0000	undef	undef
	Pankreas	0.0033	0.0000	undef	0.0000
	Prostata	0.0047	0.0026	1.8088	0.5529
	T_Lymphom	0.0025	0.0000	undef	0.0000
	Uterus	0.0031	0.0000	undef	0.0000
25	Weisse_Blutkoerperchen	0.0000	0.0000	undef	undef
	Haematopoetisch	0.0000			
	Penis	0.0027			
	Samenblase	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
30		FOETUS			
		%Haeufigkeit			
	Entwicklung	0.0000			
	Gastrointestinal	0.0000			
35	Gehirn	0.0000			
	Haematopoetisch	0.0039			
	Haut	0.0000			
	Hepatisch	0.0260			
	Herz-Blutgefuesse	0.0000			
40	Lunge	0.0000			
	Nebenniere	0.0000			
	Niere	0.0000			
	Placenta	0.0000			
	Prostata	0.0000			
45	Sinnesorgane	0.0000			
		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN			
		%Haeufigkeit			
50	Brust	0.0204			
	Brust_t	0.0000			
	Dickdarm_t	0.0000			
	Eierstock_n	0.0000			
	Eierstock_t	0.0000			
55	Endokrines_Gewebe	0.0000			
	Foetal	0.0110			
	Gastrointestinal	0.0000			
	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut-Muskel	0.0000			
60	Hoden_n	0.0000			
	Hoden_t	0.0000			
	Lunge_n	0.0000			
	Lunge_t	0.0000			
	Nerven	0.0040			
65	Niere_t	0.0000			
	Ovar_Uterus	0.0045			
	Prostata_n	0.0121			
	Sinnesorgane	0.0000			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0000			

Elektronischer Northern fuer Seq-ID: 401

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	B_Lymphom	0.0125	0.0136	0.9198	1.0872
	Blase	0.0390	0.0094	4.1487	0.2410
	Brust	0.0158	0.0056	2.8179	0.3549
	Dickdarm	0.0172	0.0028	6.0551	0.1652
	Duenn darm	0.0110	0.0000	undef	0.0000
10	Eierstock	0.0178	0.0119	1.4932	0.6697
	Endokrines_Gewebe	0.0161	0.0195	0.8231	1.2150
	Gehirn	0.0179	0.0170	1.0581	0.9451
	Haut	0.0220	0.0000	undef	0.0000
	Hepatisch	0.0000	0.0000	undef	undef
15	Herz	0.0162	0.0275	0.5907	1.6929
	Hoden	0.0161	0.0000	undef	0.0000
	Lunge	0.0175	0.0092	1.8944	0.5279
	Magen-Speiserohre	0.0000	0.0128	0.0000	undef
	Muskel-Skelett	0.0257	0.0037	6.9583	0.1437
20	Niere	0.0201	0.0096	2.0891	0.4787
	Pankreas	0.0066	0.0276	0.2393	4.1784
	Prostata	0.0104	0.0000	undef	0.0000
	T_Lymphom	0.0051	0.0448	0.1127	8.8727
	Uterus	0.0177	0.0276	0.6426	1.5563
25	Weisse_Blutkoerperchen	0.0116	0.0607	0.1916	5.2186
	Haematopoetisch	0.0040			
	Penis	0.0241			
	Samenblase	0.0070			
	Sinnesorgane	0.0353			
30		FOETUS			
		%Haeufigkeit			
	Entwicklung	0.0000			
	Gastrointestinal	0.0056			
35	Gehirn	0.0000			
	Haematopoetisch	0.0157			
	Haut	0.0000			
	Hepatisch	0.0260			
	Herz-Blutgefuesse	0.0036			
40	Lunge	0.0000			
	Nebenniere	0.0000			
	Niere	0.0185			
	Placenta	0.1212			
	Prostata	0.0000			
45	Sinnesorgane	0.0377			
		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN			
		%Haeufigkeit			
50	Brust	0.0204			
	Brust_t	0.0000			
	Dickdarm_t	0.0000			
	Eierstock_n	0.1595			
	Eierstock_t	0.0253			
55	Endokrines_Gewebe	0.0000			
	Foetal	0.0226			
	Gastrointestinal	0.0122			
	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut-Muskel	0.0324			
60	Hoden_n	0.0167			
	Hoden_t	0.0000			
	Lunge_n	0.0000			
	Lunge_t	0.0000			
	Nerven	0.0191			
65	Niere_t	0.0000			
	Ovar_Uterus	0.0248			
	Prostata_n	0.0061			
	Sinnesorgane	0.0077			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0000			

Elektronischer Northern fuer Seq-ID: 402

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	B_Lymphom	0.0125	0.0000	undef	0.0000
	Blase	0.0429	0.0141	3.0424	0.3287
	Brust	0.0387	0.0084	4.5922	0.2178
	Dickdarm	0.0038	0.0028	1.3456	0.7432
	Duenn darm	0.0165	0.0107	1.5459	0.6469
10	Eierstock	0.0237	0.0000	undef	0.0000
	Endokrines_Gewebe	0.0177	0.0018	9.9589	0.1004
	Gehirn	0.0041	0.0100	0.4062	2.4620
	Haut	0.0514	0.0000	undef	0.0000
	Hepatisch	0.0000	0.0063	0.0000	undef
15	Herz	0.0457	0.0137	3.3227	0.3010
	Hoden	0.0040	0.0000	undef	0.0000
	Lunge	0.0467	0.0296	1.5786	0.6335
	Magen-Speiserohre	0.0145	0.0064	2.2671	0.4411
	Muskel-Skelett	0.0171	0.0222	0.7731	1.2934
20	Niere	0.0000	0.0000	undef	undef
	Pankreas	0.0017	0.0000	undef	0.0000
	Prostata	0.0075	0.0052	1.4470	0.6911
	T_Lymphom	0.0051	0.0000	undef	0.0000
	Uterus	0.0281	0.0138	2.0348	0.4915
25	Weisse_Blutkoerperchen	0.0000	0.0000	undef	undef
	Haematopoetisch	0.0160			
	Penis	0.0295			
	Samenblase	0.0141			
	Sinnesorgane	0.0353			
30					
		FOETUS			
		%Haeufigkeit			
	Entwicklung	0.0418			
35	Gastrointestinal	0.0139			
	Gehirn	0.0000			
	Haematopoetisch	0.0039			
	Haut	0.0000			
	Hepatisch	0.0000			
40	Herz-Blutgefuesse	0.0356			
	Lunge	0.0325			
	Nebenniere	0.0000			
	Niere	0.0124			
	Placenta	0.0121			
45	Prostata	0.0249			
	Sinnesorgane	0.0000			
		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN			
		%Haeufigkeit			
50	Brust	0.0476			
	Brust_t	0.0000			
	Dickdarm_t	0.0000			
	Eierstock_n	0.1595			
	Eierstock_t	0.0000			
55	Endokrines_Gewebe	0.0000			
	Foetal	0.0220			
	Gastrointestinal	0.0122			
	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut-Muskel	0.0583			
60	Hoden_n	0.0042			
	Hoden_t	0.0000			
	Lunge_n	0.0098			
	Lunge_t	0.0000			
	Nerven	0.0090			
65	Niere_t	0.0000			
	Ovar_Uterus	0.0405			
	Prostata_n	0.0061			
	Sinnesorgane	0.0000			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0000			

Elektronischer Northern fuer Seq-ID: 403

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	B_Lymphom	0.0000	0.0000	undef	undef
	Blase	0.0351	0.0047	7.4677	0.1339
	Brust	0.0070	0.0014	5.0097	0.1996
	Dickdarm	0.0115	0.0000	undef	0.0000
	Duennndarm	0.0000	0.0000	undef	undef
10	Eierstock	0.0000	0.0024	0.0000	undef
	Endokrines_Gewebe	0.0016	0.0035	0.4527	2.2091
	Gehirn	0.0017	0.0060	0.2901	3.4467
	Haut	0.0000	0.0000	undef	undef
	Hepatisch	0.0000	0.0063	0.0000	undef
15	Herz	0.0020	0.0137	0.1477	6.7715
	Hoden	0.0040	0.0000	undef	0.0000
	Lunge	0.0039	0.0018	2.1049	0.4751
	Magen-Speiserohre	0.0145	0.0000	undef	0.0000
	Muskel-Skelett	0.0051	0.0000	undef	0.0000
20	Niere	0.0112	0.0000	undef	0.0000
	Pankreas	0.0017	0.0055	0.2992	3.3427
	Prostata	0.0075	0.0026	2.8941	0.3455
	T_Lymphom	0.0025	0.0000	undef	0.0000
	Uterus	0.0059	0.0046	1.2851	0.7781
25	Weisse_Blutkoerperchen	0.0027	0.0000	undef	0.0000
	Haematopoetisch	0.0013			
	Penis	0.0054			
	Samenblase	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
30					
		FOETUS			
		%Haeufigkeit			
	Entwicklung	0.0000			
35	Gastrointestinal	0.0000			
	Gehirn	0.0000			
	Haematopoetisch	0.0039			
	Haut	0.0000			
	Hepatisch	0.0000			
40	Herz-Blutgefuesse	0.0000			
	Lunge	0.0000			
	Nebenniere	0.0254			
	Niere	0.0185			
	Placenta	0.0121			
45	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN			
		%Haeufigkeit			
50	Brust	0.0340			
	Brust_t	0.0000			
	Dickdarm_t	0.0000			
	Eierstock_n	0.0000			
	Eierstock_t	0.0000			
55	Endokrines_Gewebe	0.0000			
	Foetal	0.0017			
	Gastrointestinal	0.0000			
	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut-Muskel	0.0065			
60	Hoden_n	0.0000			
	Hoden_t	0.0000			
	Lunge_n	0.0098			
	Lunge_t	0.0000			
	Nerven	0.0020			
65	Niere_t	0.0000			
	Ovar_Uterus	0.0000			
	Prostata_n	0.0061			
	Sinnesorgane	0.0000			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0000			

2.2 Fisher-Test

Um zu entscheiden, ob eine Partial-Sequenz S eines Gens in einer Bibliothek für Normal-Gewebe signifikant häufiger oder seltener vorkommt als in einer Bibliothek für entartetes Gewebe, wird Fishers Exakter Test, ein statistisches Standardverfahren (Hays, W. L., (1991) Statistics, Harcourt Brace College Publishers, Fort Worth), durchgeführt.

Die Null-Hypothese lautet: die beiden Bibliotheken können bezüglich der Häufigkeit zu S homologer Sequenzen nicht unterschieden werden. Falls die Null-Hypothese mit hinreichend hoher Sicherheit abgelehnt werden kann, wird das zu S gehörende Gen als interessanter Kandidat für ein Krebs-Gen akzeptiert, und es wird im nächsten Schritt versucht, eine Verlängerung seiner Sequenz zu erreichen.

Beispiel 3

Automatische Verlängerung der Partial-Sequenz

Die automatische Verlängerung der Partial-Sequenz S vollzieht sich in drei Schritten:

1. Ermittlung aller zu S homologen Sequenzen aus der Gesamtmenge der zur Verfügung stehenden Sequenzen mit Hilfe von BLAST
2. Assemblierung dieser Sequenzen mittels des Standardprogramms GAP4 (Bonfield, J. K., Smith, K. F., und Staden R. (1995), Nucleic Acids Research 23 4992-4999) (Contig-Bildung).
3. Berechnung einer Konsens-Sequenz C aus den assemblierten Sequenzen

Die Konsens-Sequenz C wird im allgemeinen länger sein als die Ausgangssequenz S . Ihr elektronischer Northern-Blot wird demzufolge von dem für S abweichen. Ein erneuter Fisher-Test entscheidet, ob die Alternativ-Hypothese der Abweichung von einer gleichmäßigen Expression in beiden Bibliotheken aufrechterhalten werden kann. Ist dies der Fall, wird versucht, C in gleicher Weise wie S zu verlängern. Diese Iteration wird mit der jeweils erhaltenen Konsensus-Sequenzen C_i (i : Index der Iteration) fortgesetzt, bis die Alternativ-Hypothese verworfen wird (if H_0 Exit; Abbruchkriterium I) oder bis keine automatische Verlängerung mehr möglich ist (while $C_i > C_{i-1}$; Abbruchkriterium II).

Im Fall des Abbruchkriteriums II bekommt man mit der nach der letzten Iteration vorliegenden Konsens-Sequenz eine komplette oder annähernd komplette Sequenz eines Gens, das mit hoher statistischer Sicherheit mit Krebs in Zusammenhang gebracht werden kann.

Analog der oben beschriebenen Beispiele konnten die in der Tabelle I beschriebenen Nukleinsäure-Sequenzen aus Blasennormalgewebe gefunden werden.

Ferner konnten zu den einzelnen Nukleinsäure-Sequenzen die Peptidsequenzen (ORF's) bestimmt werden, die in der Tabelle II aufgelistet sind, wobei wenigen Nukleinsäure-Sequenzen kein Peptid zugeordnet werden kann und einigen Nukleinsäure-Sequenzen mehr als ein Peptid zugeordnet werden kann. Wie bereits
5 oben erwähnt, sind sowohl die ermittelten Nukleinsäure-Sequenzen, als auch die den Nukleinsäure-Sequenzen zugeordneten Peptid-Sequenzen Gegenstand der vorliegenden Erfindung.

Beispiel 4

10

Kartierung der Nukleinsäure-Sequenzen auf dem humanen Genom

Die Kartierung der humanen Gene erfolgte unter Verwendung des Stanford G3 Hybrid-Panels (Stewart et al., 1997), der von Research Genetics, Huntsville,
15 Alabama vertrieben wird. Dieses Panel besteht aus 83 verschiedenen genomischen DNAs von Mensch-Hamster Hybridzelllinien und erlaubt eine Auflösung von 500 Kilobasen. Die Hybridzelllinien wurden durch Fusion von bestrahlten diploiden menschlichen Zellen mit Zellen des Chinesischen Hamsters gewonnen. Das Rückhaltemuster der humanen Chromosomenfragmente wird mittels genspezifischer
20 Primer in einer Polymerase-Kettenreaktion bestimmt und mit Hilfe der vom Stanford RH Server verfügbaren Software analysiert (http://www.stanford.edu/RH/rhserver_form2.html). Dieses Programm bestimmt den STS-Marker, der am nächsten zum gesuchten Gen liegt. Die entsprechende zytogenetische Bande wurde unter Verwendung des "Mapview"-Programms der Genome Database (GDB),
25 (<http://gdbwww.dkfz-heidelberg.de>) bestimmt. Neben dem kartieren von Genen auf dem menschlichen Chromosomensatz durch verschiedene experimentelle Methoden ist es möglich die Lage von Genen auf diesem durch bioinformatische Methoden zu bestimmen. Dazu wurde das bekannte Programm e-PCR eingesetzt (Schuler GD (1998) Electronic PCR: bridging the gap
30 between genome mapping and genome sequencing. Trends Biotechnol 16; 456-459, Schuler GD (1997). Sequence mapping by electronic PCR. Genome Res 7; 541-550). Die dabei eingesetzte Datenbank entspricht nicht mehr der in der Literatur angegebenen, sondern ist eine Weiterentwicklung, welche Daten der öffentlichen Datenbank RHdb (<http://www.ebi.ac.uk/RHdb/index.html>) einschließt. Analog zu der
35 Kartierung durch die Hybrid-Panels erfolgte eine Auswertung der Ergebnisse mit der obengenannten Software und der Software des Whitehead-Institutes (<http://carbon.wi.mit.edu:8000/cgi-bin/contig/rhmapper.pl>).

Beispiel 5**Gewinnung von genomischen DNA-Sequenzen (BAC-Klone)**

- 5 Die die entsprechenden cDNA enthaltenen genomischen BAC-Klone
(<http://www.tree.caltech.edu/>; Shizuya, H., B. Birren, U.-J. Kim, V. Mancino, T. Slepak,
Y. Tachiiri, M. Simon (1992) Proc. Natl. Acad. Sci., USA 89: 8794-8797) wurden mit
der Prozedur des "down-to-the-well" isoliert. Bei dieser Prozedur wird eine Bibliothek
bestehend aus BAC-Klonen (die Bibliothek überdeckt ca. 3 x das humane Genom)
10 in ein bestimmtes Raster gebracht, so daß die DNA dieser Klone mit einer
spezifischen PCR untersucht werden kann. Dabei erfolgt ein "Poolen" der DNA
verschiedener BAC-Klone. Durch eine kombinatorische Analyse ist es möglich die
Klone zu bestimmen, die die gesuchte DNA enthalten. Durch das Festlegen der
Klone kann die Adresse der Klone in der Bibliothek bestimmt werden. Diese Adresse
15 zusammen mit dem Namen der verwendeten Bibliothek legen die Klone und damit
die DNA-Sequenz dieser Klone eindeutig fest.
Die nachfolgenden Beispiele erläutern die erfolgreiche Isolierung der genomischen
BAC-Klone ohne, diese darauf zu beschränken.
Die verwendete Bibliotheken waren CITB B und CITB C:

20

Seq. ID Nr.	Identifizierte BACs		
60	311/K/13	271/E/3	252/P/20
102	458/N/24	349/F/12	

TABELLE I

Sequenz ID	Expression	Funktion	Module	Cytogenetische Lokalisation	Nearest Marker
1	in Blasennormalgewebe überexprimiert	H.sapiens rap1b	ras	6q21-q22.1	D6S304-D6S1639
2	in Blasennormalgewebe überexprimiert	Human zinc finger transcription factor HEZF (EZF) Homolog	ZINC_FINGER_C2H2_2		
3	in Blasennormalgewebe überexprimiert	Homo sapiens mRNA for phosphatidic acid phosphatase 2a			
4	in Blasennormalgewebe überexprimiert	H. sapiens mRNA for G protein-coupled receptor Edg-2	7tm_1	9q31.3-q32	D9S1690-D9S279
6	in Blasennormalgewebe überexprimiert	Homo sapiens secreted frizzled-related protein	FZ_DOMAIN; NETRIN_CT; PRO_RICH	8p11.23-p12	SHGC-5722 bis SHGC-5765
7	in Blasennormalgewebe überexprimiert	Human monocytic leukaemia zinc finger protein (MOZ)		8p11.23-p12	D8S2070 bis SHGC-31558
8	in Blasennormalgewebe überexprimiert	Homo Sapiens angiotensin II receptor		22q11.22-q11.23	D6S2136-D4S3274
9	in Blasennormalgewebe überexprimiert	Human mRNA for RNA helicase (HRH1)		6p21.31	SHGC-17229 bis D6S478
12	in Blasennormalgewebe überexprimiert	H.sapiens rhoB		2p23.3	D2S387
13	in Blasennormalgewebe überexprimiert	Human skeletal muscle LIM-protein SLIM1	LIM_DOMAIN_2	Xq25-q27.2	DXS994-DXS1062
14	in Blasennormalgewebe überexprimiert	Homo sapiens 39 kDa protein	PDZ; LIM	4q34.1-q35.2	D4S408-D4S426
17	in Blasennormalgewebe überexprimiert	H.sapiens dermatopontin mRNA		1q23.1-q23.2	D1S445-D1S2750
18	in Blasennormalgewebe überexprimiert	Homo sapiens phosphoglucomutase-related protein (PGMRP)	PGM_PMM	9p11.1-q12	D9S1699
20	in Blasennormalgewebe überexprimiert	Human nucleic acid binding protein CNBP	zf-CCHC	3q13.31-q21.1	D3S1589-D3S1766
21	in Blasennormalgewebe überexprimiert	unbekannt			
22	in Blasennormalgewebe überexprimiert	Human small nuclear ribonucleoprotein (U1-70K)		19q13.31-q13.33	SHGC-36947 bis SHGC-34723
23	in Blasennormalgewebe überexprimiert	H.sapiens mRNA for telokin Homolog			
24	in Blasennormalgewebe überexprimiert	Homolog zu pil2 aus Ratte			

Sequenz ID	Expression	Funktion	Module	Cytogenetische Lokalisation	Nearest Marker
25	in Blasennormalgewebe überexprimiert	unbekannt			
26	in Blasennormalgewebe überexprimiert	unbekannt			
27	in Blasennormalgewebe überexprimiert	unbekannt		5q32-q33.1	D5S470
29	in Blasennormalgewebe überexprimiert	Homolog zu sushi repeat protein	PRO_RICH	3q11.2	SHGC-36351 bis SHGC-14633
30	in Blasennormalgewebe überexprimiert	unbekannt		2q37.3	D2S206-D2S331
31	in Blasennormalgewebe überexprimiert	unbekannt		2q31.1-q31.3	WI-7596 bis D2S326
32	in Blasennormalgewebe überexprimiert	unbekannt		20p13	D20S864 bis SHGC-34269
33	in Blasennormalgewebe überexprimiert	unbekannt		13q12.11-q12.3	SHGC-2665 bis D13S289
34	in Blasennormalgewebe überexprimiert	unbekannt		9q21.31	SHGC-32247 bis SHGC-5528
35	in Blasennormalgewebe überexprimiert	Caenorhabditis elegans cosmid F09E5	UPF0001		
36	in Blasennormalgewebe überexprimiert	unbekannt			
37	in Blasennormalgewebe überexprimiert	Homolog zu murinem RING zinc finger protein	PRO_RICH; ZF_RING	17p13.3	D17S1548
38	in Blasennormalgewebe überexprimiert	Rattus norvegicus cytoplasmic dynein intermediate chain 2c	WD40_REGION	10q11.21	D10S604-D10S220
39	in Blasennormalgewebe überexprimiert	unbekannt		13q33.3	SHGC-9496 bis D13S1223
40	in Blasennormalgewebe überexprimiert	unbekannt			
43	in Blasennormalgewebe überexprimiert	Gry-rbp	RBD	20p13	D20S816 bis SHGC-33687
44	in Blasennormalgewebe überexprimiert	unbekannt			
46	in Blasennormalgewebe überexprimiert	unbekannt		2q21.3-q22.1	SHGC-35092 bis SHGC-32856
47	in Blasennormalgewebe überexprimiert	unbekannt			

Sequenz ID	Expression	Funktion	Module	Cytogenetische Lokalisation	Nearest Marker
48	in Blasennormalgewebe überexprimiert	unbekannt		15q11.2-q15.3	SHGC-35142 bis SHGC-7407
50	in Blasennormalgewebe überexprimiert	Homolog zu HU-K5		3q21.3-3q23	SHGC-37132 bis SHGC-30693
51	in Blasennormalgewebe überexprimiert	unbekannt		3p21.31-p21.1	SHGC-30574 bis SHGC-31529
52	in Blasennormalgewebe überexprimiert	Homolog zu O. aries Putative G-protein linked receptor (edg-2)			
53	in Blasennormalgewebe überexprimiert	unbekannt			
54	in Blasennormalgewebe überexprimiert	Humanes Homolog zu murinem NST-1	HSP70		
55	in Blasennormalgewebe überexprimiert	Homolog zu humanem CIP4			
56	in Blasennormalgewebe überexprimiert	Humanes Cbf5p Homolog		Xq25-q27.3	SHGC-31168 bis AFM207xb8
57	in Blasennormalgewebe überexprimiert	unbekannt	ZF_DHHC; NLS_BP		
58	in Blasennormalgewebe überexprimiert	unbekannt		9q12	WI-7387 bis SHGC-32868
59	in Blasennormalgewebe überexprimiert	unbekannt		9q22.2-q22.31	SHGC-14680 bis SHGC-8725
60	in Blasennormalgewebe überexprimiert	unbekannt		1p36.13-p36.31	SHGC-34104 bis SHGC-9861
61	in Blasennormalgewebe überexprimiert	Caenorhabditis elegans cosmid T09A5		Chr. 5	SHGC-2758 bis SHGC-4278
62	in Blasennormalgewebe überexprimiert	unbekannt		1q32.3	SHGC-15949 bis SHGC-11476
63	in Blasennormalgewebe überexprimiert	unbekannt	Oxysterol_BP	1p32.3-p33	D1S197-D1S417
65	in Blasennormalgewebe überexprimiert	Homolog zu humanem KOX15	ZINC_FINGER_C2H2_2	16q21-q23.1	D16S2624 bis SHGC-9008
67	in Blasennormalgewebe überexprimiert	unbekannt			
69	in Blasennormalgewebe überexprimiert	Homolog zu Golgi 4-Transmembran spanning Transporter MTP		8q22.3-q24.13	D8S556-D8S266
72	in Blasennormalgewebe überexprimiert	unbekannt		10q23.1	SHGC-14535 bis SHGC-30780

Sequenz ID	Expression	Funktion	Module	Cytogenetische Lokalisation	Nearest Marker
73	in Blasennormalgewebe überexprimiert	unbekannt		1q22	SHGC-32839 bis D1S1576
75	in Blasennormalgewebe überexprimiert	Humanes Homolog zu Rat mRNA for V-ank 1 protein	ank		
77	in Blasennormalgewebe überexprimiert	Caenorhabditis elegans cosmid F13G3	Ribosomal_L13	8q23.3-q24.11	WI-5098-CHLC.GATA8G03.443
78	in Blasennormalgewebe überexprimiert	unbekannt	ig		
79	in Blasennormalgewebe überexprimiert	unbekannt			
80	in Blasennormalgewebe überexprimiert	Humane Pyruvate Dehydrogenase Kinase Isoform 4		7q21.2-q22.1	D7S492-D7S652
82	in Blasennormalgewebe überexprimiert	unbekannt		3p24.3-p23	SHGC-9648 bis SHGC-14769
83	in Blasennormalgewebe überexprimiert	unbekannt		3p12.1-p21.1	D3S3117
85	in Blasennormalgewebe überexprimiert	unbekannt			
86	in Blasennormalgewebe überexprimiert	Mouse epithelial zinc-finger protein EZF (Zie)		9q22.33-q31.1	D9S1690 bis SHGC-14345
88	in Blasennormalgewebe überexprimiert	unbekannt		1p35.1	D1S2569-D1S2676
90	in Blasennormalgewebe überexprimiert	unbekannt			
92	in Blasennormalgewebe überexprimiert	Homolog zu MyD118			
93	in Blasennormalgewebe überexprimiert	Homolog zum p8 Protein aus Ratte	ras	16p11.2-q12.1	D16S3093-D16S409
94	in Blasennormalgewebe überexprimiert	unbekannt		14q11.1-q11.2	D14S990-D14S264
95	in Blasennormalgewebe überexprimiert	unbekannt		16p13.2-p13.3	D16S521
96	in Blasennormalgewebe überexprimiert	Homolog zu murinem B-IND1		15q22.31-q22.33	D15S159-D15S125
97	in Blasennormalgewebe überexprimiert	Canis familiaris Sec61-complex gamma-subunit	SecE		
98	in Blasennormalgewebe überexprimiert	unbekannt		6p21.2-p21.31	D6S276-D6S439

Sequenz ID	Expression	Funktion	Module	Cylogenetische Lokalisation	Nearest Marker
99	in Blasennormalgewebe überexprimiert	Humanes Homolog zu X laevis 146 kDa nuclear protein		2q23.3-q33.3	D2S117-D2S115
100	in Blasennormalgewebe überexprimiert	unbekannt	NLS_BP	9q22.31-q31.1	D9S176-D9S277
101	in Blasennormalgewebe überexprimiert	Humanes Dysferlin	PRO_RICH; C2_DOMAIN_2		
102	in Blasennormalgewebe überexprimiert	unbekannt		10q25.3	D10S216 bis SHGC-13269
103	in Blasennormalgewebe überexprimiert	unbekannt		2p23.1-p23.2	D2S2573 bis SHGC-15275
104	in Blasennormalgewebe überexprimiert	unbekannt	PRO_RICH	8p11.23-p12	D8S2102
105	in Blasennormalgewebe überexprimiert	unbekannt		1p31.1-p34.1	SHGC-32050
106	in Blasennormalgewebe überexprimiert	unbekannt		13q21.33-q22.1	D13S156-D13S162
107	in Blasennormalgewebe überexprimiert	unbekannt			
108	in Blasennormalgewebe überexprimiert	Homolog zu APRIL	TNF		
109	in Blasennormalgewebe überexprimiert	Homolog zu dem humanem p20	crystallin, HSP20	19q13.13	D19S425-D19S224
110	in Blasennormalgewebe überexprimiert	unbekannt		7q31.31	D7S522-D7S2756
111	in Blasennormalgewebe überexprimiert	unbekannt		10q23.31-q24.1	WI-7908 bis SHGC-34547
112	in Blasennormalgewebe überexprimiert	unbekannt		1q31.1-q31.3	SHGC-34113 bis SHGC-34344
113	in Blasennormalgewebe überexprimiert	Homolog zu D. melanogaster furrowed	sushi	9q31.3-q32	D9S160-D9S279
114	in Blasennormalgewebe überexprimiert	Homolog zu murinem BRX Protein	PRO_RICH		
115	in Blasennormalgewebe überexprimiert	unbekannt		Chr.17 (17p13.3-q25.3)	SHGC-33067 bis SHGC-32338
116	in Blasennormalgewebe überexprimiert	unbekannt		4q28.1-q31.1	D4S1580-D4S427
117	in Blasennormalgewebe überexprimiert	Caenorhabditis elegans cosmid R08D7			

Sequenz ID	Expression	Funktion	Module	Cytogenetische Lokalisation	Nearest Marker
118	in Blasennormalgewebe überexprimiert	unbekannt	PRO_RICH		
119	in Blasennormalgewebe überexprimiert	HSP 86	HSP90	11q13.2-q13.5	D11S913-D11S1314
120	in Blasennormalgewebe überexprimiert	Homolog zu humanem AKAP95	PRO_RICH		
121	in Blasennormalgewebe überexprimiert	Sus scrofa mRNA for 17-kDa PKC-potentiated inhibitory protein of PP1	PRO_RICH	19q13.13-q13.2	D19S1069-D19S421
122	in Blasennormalgewebe überexprimiert	unbekannt		1q32.1	D1S306-D1S2570
123	in Blasennormalgewebe überexprimiert	Homo sapiens Supervillin	PRO_RICH		
124	in Blasennormalgewebe überexprimiert	Homolog zu B.taurus vacuolar ATPase subunit A		3q11.2-q21.1	D3S2353-D3S3526
125	in Blasennormalgewebe überexprimiert	SH3 domain binding glutamic acid-rich-like protein		domain	binding
126	in Blasennormalgewebe überexprimiert	Humanes Homolog zu Mus musculus WSB-1	WD40_REGION; WD40; SOCS_DOMAIN	17p11.2	D17S783 bis SHGC-30289
127	in Blasennormalgewebe überexprimiert	unbekannt			
391	Verlängerung zu Seq ID No: 27				
392	Verlängerung zu Seq ID No: 34				
393	Verlängerung zu Seq ID No: 50				
394	Verlängerung zu Seq ID No: 56				
395	Verlängerung zu Seq ID No: 78				
396	Verlängerung zu Seq ID No: 82				
397	Verlängerung zu Seq ID No: 88				
398	Verlängerung zu Seq ID No: 100				
399	Verlängerung zu Seq ID No: 101				

Sequenz ID	Expression	Funktion	Module	Cytogenetische Lokalisation	Nearest Marker
400	Verlängerung zu Seq ID No: 102				
401	Verlängerung zu Seq ID No: 104				
402	Verlängerung zu Seq ID No: 110				
403	Verlängerung zu Seq ID No: 111				

TABELLE II

Seq. ID. No.	Peptid-Sequenzen (ORF's)	Seq. ID. No.
21		430
		431
24		128
		129
25		131
		132
		133
26		134
		135
		136
27		137
		138
		139
29		143
30		144
		145
		146
		147
		148
31		149
		150
		151
		152
32		153
		154
		155
33		156
		157
34		158
		159
		160
35		161
		162
		163
36		164
		165
		166
37		167
38		168
39		169
40		170
		171
		172
		173
43		174
		181
44		182
		183
		184

WO 99/54460

Seq. ID. No.	Peptid-Sequenzen (ORF's)	Seq. ID. No.
46		188
		189
		190
47		191
		192
		193
48		194
		195
		196
50		200
		201
		202
51		203
		204
		205
52		206
		207
		208
53		209
54		210
55		211
56		212
		213
		214
57		215
58		216
		217
		218
59		219
60		220
		221
		222
		223
61		224
		225
62		226
		227
		228
63		229
65		233
67		237
		238
		239
69		243
		244
72		251
		252
		253
73		254
		255
		256
75		260
77		264

WO 99/54460

Seq. ID. No.	Peptid-Sequenzen (ORF's)	Seq. ID. No.
78		265
		266
79		267
80		268
		269
		270
82		274
		275
		276
83		277
		278
		279
85		283
		284
		285
86		286
		287
		288
88		292
		293
		294
90		298
		299
		300
92		304
93		305
		306
94		307
95		308
		309
		310
96		311
		312
97		313
		314
		315
98		316
		317
		318
99		319
100		320
		321
101		322
102		323
		324
		325
103		326
		327
		328
104		329
		330
		331
105		332
		333

WO 99/54460

Seq. ID. No.	Peptid-Sequenzen (ORF's)	Seq. ID. No.
106		334
		335
		336
107		337
		338
		339
108		340
		341
		342
109		343
		344
		345
110		346
		347
111		348
		349
		350
112		351
		352
		353
113		354
114		355
		356
		357
115		358
		359
		360
116		361
		362
		363
		364
117		365
		366
		367
118		368
		369
		370
119		371
		372
120		373
		374
121		375
122		376
		377
122		378
123		379
		380
		381
124		382
		383
		384
125		385
		386
		387

WO 99/54460

Seq. ID. No.	Peptid-Sequenzen (ORF's)	Seq. ID. No.
126		388
127		389
		390
391		404
		405
392		406
		407
393		408
		409
394		410
		411
395		412
		413
396		414
		415
397		416
		417
398		418
		419
399		420
		421
400		422
		423
401		424
		425
402		426
		427
403		428
		429

- Die erfinderischen Nukleinsäure-Sequenzen Seq. ID No 1-127, 391-403 der ermittelten Kandidatengene und die ermittelten Aminosäure-Sequenzen Seq. ID No 128-390, 404-431 werden in dem nachfolgenden Sequenzprotokoll beschrieben.

Sequenzprotokoll**(1) ALLGEMEINE INFORMATION:**

- 5 (i) ANMELDER:
(A) NAME: metaGen - Gesellschaft für Genomforschung mbH
(B) STRASSE: Ihnestrasse 63
(C) STADT: Berlin
(E) LAND: Deutschland
10 (F) POST CODE (ZIP): D-14195
(G) TELEFON: (030)-8413 1673
(H) TELEFAX: (030)-8413 1674
- 15 (ii) TITEL DER ERFINDUNG: Menschliche Nukleinsäure-Sequenzen aus
Blasennormalgewebe
- (iii) Anzahl der Sequenzen: 365
- 20 (iv) COMPUTER READABLE FORM:
(A) MEDIUM TYPE: Floppy disk
(B) COMPUTER: IBM PC compatible
(C) OPERATING SYSTEM: PC-DOS/MS-DOS
25 (D) SOFTWARE: Patentln Release #1.0, Version #1.25 (EPO)
- (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 1:
- (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:
30 (A) LÄNGE: 1722 Basenpaare
(B) TYP: Nukleinsäure
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear
- 35 (ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
hergestellte partielle cDNA
- (iii) HYPOTHETISCH: NEIN
- 40 (iii) ANTI-SENSE: NEIN
- (vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH
(C) ORGAN:
- 45 (vii) SONSTIGE HERKUNFT:
(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO:1

50 cgttgaagta gatgcacaac agtgtatgct tgaaatcttg gatactgcag gaacggagca 60
atttacagca atgagggatt tatacatgaa aatggacaa ggatttgcatt tagtttattc 120
catcacagca cagtccacat ttaacgattt acaagacctg agagaacaga ttcttcgagt 180

```

    taaagacact gatgatgttc caatgattct tgttggtaat aagtgtgact tggaaagatga 240
    aagagttgta gggaaggaac aaggtcaaaa tctagcaaga caatggaaca actgtgcatt 300
    cttagaatct tctgcaaaat caaaaataaa tgttaatgag atcttttatg acctagtgcg 360
    gcaaattaac agaaaaactc cagtgcctgg gaaggtctcg aaaaagtcac catgtcagct 420
5   gctttaatat actaaatgca ttgtagctct gagccaggtc tgaagaactg ttgcccaatt 480
    caacagtgcc agcattccaa ctttggttaa cctaccaaca tcttaaatgg actttcctgt 540
    ggtggtaccc ttttaagagggc ggatgaaagc tactatatca gtttgacacat tctaatact 600
    ttccagtatc acaagagaga tttttactta tataatagtc cttagagtttg cagctggtaa 660
    aaccagaggg tacatccagt attactgcta agagacattc ttcatccacc aatgttgta 720
10  atgtatgaaa atggtgtact gtatacttta acatgcccca tactttgtat tggagagtac 780
    aataatgtaa atcctaaaag caccactatt ttagcataat aaaagaaagt ccaaaagagt 840
    cctatataga ctactccaga taacttcgct tctttgatac ttgtagctta ttgtaatttt 900
    ttttaagaaa ttcaagggtc ttattattgt acaaaataag cgctttgatt aacacagcta 960
    tatagttttt ttaattttta aaaaacctgt ggagacgggtg atcttgtctt taaaacatga 1020
15  tagtcctttc agtataatgt cttagattaa agacgttgcc ttaataatct gttgggaagg 1080
    aaatgtccag acttttcaaa tctcttatta tatgtttcct ttttttggtt acataggga 1140
    caatgtttat agtcgtgtgt acagtggggg tctacaacaa gaagtgtata ttttcaaaca 1200
    attttttaat gatttaacaa tttttgtaaa tcattttcag gcttctgcag ctgtagattc 1260
    tcactgtgaa tcctctgctt gctcatgcat aagtgtattt gcaataccaa atatacagg 1320
20  ttagtatttt tgctgttag tgattgtttc acatgtgtaa cgttttgggt gagatgttaa 1380
    atggtggacg agtactgtgg atgtgaatgt gggaaagta ttaatacata tgtaattgg 1440
    cacaaggcct aatttgacgt aactattgct gttttattta acaatgcctt gttgctttgt 1500
    atgcattaat gtttgatgt aaagattgtg tgtctatcca acagggagcc acagtattta 1560
    aattgaccaa cctaattgta caactacttt gaggtggcca aatgtaaact aaaagccta 1620
25  attaaagtgg tgcaattttg tataacttag catcagtagt tcaataaatt tggattgcc 1680
    tgcaagggct tgcattataa aaaaaacaa aaaaaaaaaa aa 1722

```

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 2:

- 30 (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:
 (A) LÄNGE: 1187 Basenpaare
 (B) TYP: Nukleinsäure
 (C) STRANG: einzel
 (D) TOPOLOGIE: linear
- 35 (ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
 hergestellte partielle cDNA
- (iii) HYPOTHETISCH: NEIN
- 40 (iii) ANTI-SENSE: NEIN
- (vi) HERKUNFT:
 (A) ORGANISMUS: MENSCH
 (C) ORGAN:
- 45 (vii) SONSTIGE HERKUNFT:
 (A) BIBLIOTHEK: cDNA library
- 50 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO:2

```

    cggctcgagg aggcgggtct ttcgtgcacc cacttggggc ctggaccccc tctcagcaat 60
    ggccaccggc cggctgcaca cgacttcccc ctggggcggc actccccagc aggactaccc 120
    cgaccctggg tcttgaggaa gtgctgagca gcagggactg tcaccctgcc ctgccgcttc 180
55  ctcccggtt ccattccccac cgggggcccc attaccatc ctctctgcc gatcagatgc 240
    agccgcaagt ccgcgcgtc cattaccaag agctcatgcc acccggttcc tgcattgccag 300
    aggagcccaa gccaaagagg ggaagacgat cgtggccccg gaaaaggacc gccaccacac 360
    cttgtgatta cgcgggctgc ggcaaacct acacaaagag ttcccatctc aaggcacacc 420

```

```

5  tgcgaaccca cacaggtgag aaaccttacc actgtgactg ggacggctgt ggatggaaat 480
   tcgcccgtct agatgaactg accaggcact accgtaaaaca cacggggcac cgcccgttcc 540
   agtgccaaaa atgcgaccga gcattttcca ggtcggacca cctcgcctta cacatgaaga 600
   ggcattttta aatcccagac agtggatatg acccacactg ccagaagaga attcagtatt 660
10 ttttactttt cacactgtct tcccgatgag ggaaggagcc cagccagaaa gcactacaat 720
   catggtcaag tcccactg agtcatcttg tgagtggata atcaggaaaa atgaggaatc 780
   caaaagacaa aaatcaaaga acagatgggg totgtgactg gatcttctat cattccaatt 840
   ctaaattccga cttgaatatt cctggactta caaaatgcc aaggggtgac tggaagtgtg 900
   ggatatcagg gtataaatta tatccgtgag ttgggggagg gaagaccaga attcccttga 960
15 attgtgtatt gatgcaatat aagcataaaa gatcaccttg tattctcttt accttctaaa1020
   agccattatt atgatgttag aagaagagga agaaattcag gtacagaaaa ccatgtttaa1080
   atagccta at gatggtgttt gtgagcttgg tctaaagggt cccaacaagg gagccaaagg1140
   tttaaactgc tggatccttg gcaaggggaa atctgtgttt ttttccg 1187

```

15

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 3:

- (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:
- 20 (A) LÄNGE: 1478 Basenpaare
- (B) TYP: Nukleinsäure
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear
- 25 (ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA
- (iii) HYPOTHETISCH: NEIN
- 30 (iii) ANTI-SENSE: NEIN
- (vi) HERKUNFT:
- (A) ORGANISMUS: MENSCH
- (C) ORGAN:
- 35 (vii) SONSTIGE HERKUNFT:
- (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO:3

```

40  ggcgaacccgc gcgctgcccgc gtctctgcgct gccagcggg aggggctgga ccccgcttc 60
   ctctccctg ccggtcccca tccttaaagc gagagtctgg acgcccgcgc tgtgggagag 120
   agcgccggga tccggacggg gagcaaccgg gccaggccgt gccggctgag gaggtcctga 180
   ggctacagag ctgcgcggc tggcacacga gcgcctcggc actaaccgag tgttcgcggg 240
45  ggctgtgagg ggaggggccc gggcgccatt gctggcggtg ggagcgccgc ccggtctcag 300
   cccgcccctg gctgctctcc tctccggtt gggaggggcc gtagctcggg gccgtcgcca 360
   gccccggccc gggctcgaga atcaagggcc tcggccgcgc tcccgcagct cagtccatcg 420
   cccttgccgg gcagcccggg cagagaccat gtttgacaag acgcggtgc cgtacgtggc 480
   cctcgatgtg ctctgcgtgt tgctggctgg attgcctttt gcaattctta cttcaaggca 540
50  taccoccttc caacgaggag tattctgtaa tgatgagtc atcaagtacc cttacaaaga 600
   agacaccata ccttatgcgt tattaggttg aataatcatt ccattcagta ttatcgttat 660
   tattcttgga gaaacctgt ctgtttactg taaccttttg cactcaaatt cctttatcag 720
   gaataactac atagccacta ttacaaaagc cattggaacc tttttatttg gtgcagctgc 780
   tagtcagtc ctgactgaca ttgccaagta ttcaataggc agactgcggc ctcaattctt 840
55  ggatgtttgt gatccagatt ggtcaaaaat caactgcagc gatggttaca ttgaatacta 900
   catatgtcga gggaatgcag aaagagttaa ggaaggcagg ttgtccttct attcaggcca 960
   ctcttggttt tccatgtact gcatgctgtt tgtggcactt tatcttcaag ccaggatgaa1020
   gggagactgg gcaagactct tacgcccac actgcaattt ggtcttgttg ccgtatccat1080

```

ttatgtgggc ctttctcgag tttctgatta taaacaccac tggagcgatg tgttgactgg1140
actcattcag ggagctctgg ttgcaatatt agttgctgta tatgtatcgg atttcttcaal200
agaaagaact tcttttaaag aaagaaaaga ggaggactct catacaactc tgcataaacl260
accaacaact gggaatcact atccgagcaa tcaccagcct tgaaaggcag cagggtgccc1320
5 aggtgaagct ggcctgtttt ctaaaggaaa atgattgcca caaggcaaga gggatgcac1380
tttcttctg ggtgtacaag cctttttaa gaccttctgc tggctgcgat gcctcttggal440
atgcacagtt gtgtgtaaca gagttacctt aactcgtg 1478

10 (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 4:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- 15 (A) LÄNGE: 411 Basenpaare
(B) TYP: Nukleinsäure
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
hergestellte partielle cDNA

20 (iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

25 (vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH
(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

- 30 (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO:4

gccacatttc cgggggttttg cgggccccgc gatgttttcc agagcttttc aagtgggaag 60
35 aggagagcga caacgtgaaa atgccccgtg ccggggcgct caccggagtc ctgccagctg120
tccggcgctg ggggtggacgt ctgatttatg aagctcccca tccacctatc tgagtacctg180
acttctcagg actgacacct acagcatcag gtacacagct tctcctagca tgacttcgat240
ctgatcagca aacaagaaaa tttgtctccc gtagttctgg ggcgtgttca ccacctacaa300
ccacagagct gtcatggctg ccatctctac ttccatccct gtaatttcac agccccagtt360
40 cacagccatg aatgaaccac agtgcttcta caacgagtc attgccttct t 411

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 6:

45 (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- (A) LÄNGE: 3181 Basenpaare
(B) TYP: Nukleinsäure
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

50 (ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

55

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

5

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

10 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 6

```
cggggtgggggt gggagcaggg ggggacagtg ccccggaac cgggtgggtc acacacacgc 60
actgcgccctg tcagtagtgg acattgtaat ccagtcggct tgttcttgca gcattcccgc 120
tcccttccct ccatagccac gctccaaacc ccagggtagc catggccggg taaagcaagg 180
gccattttaga ttaggaagggt ttttaagatc cgcaatgtgg agcagcagcc actgcacagg 240
aggaggtgac aaaccatttc caacagcaac acagccacta aaacacaaaa aggggggattg 300
ggcggaaggt gagagccagc agcaaaaact acattttgca acttgttggt gtggatctat 360
tggctgatct atgcctttca actagaaaat tctaattgatt ggcaagtcac gttgttttca 420
ggtccagagt agttttcttc tgtctgcttt aaatggaaac agactcatac cacacttaca 480
attaaggtca agcccagaaa gtgataagtg caggaggaa aagtgcaggt ccattatgta 540
atagtgcacag caaagggacc aggggagagg cattgccttc tctgccaca gtctttccgt 600
gtgattgtct ttgaatctga atcagccagt ctcagatgcc ccaaagtttc ggttcctatg 660
agcccggggc atgatctgat cccaagaca tgtggagggg cagcctgtgc ctgcctttgt 720
gtcagaaaaa ggaaccaca gtgagcctga gagagacggc gattttcggg ctgagaaggc 780
agtagttttc aaaacacata gttaaaaaag aaacaaatga aaaaaatttt agaacagtc 840
agcaaatgac tagtcagggt gaattgtgaa attgggtgaa gagcttagga ttctaattct 900
atgttttttc cttttcacat ttttaaaaga acaatgacaa acaccactt atttttcaag 960
gttttaaaac agtctacatt gagcatttga aaggcgtgct agaacaagg ctctgatcc 1020
gtccgaggct gcttcccaga ggagcagctc tcccaggga tttgccaagg gaggcggatt 1080
tccctggtag tgtagctgtg tggttttct tctgaagag tccgtgggtg cctagaacc 1140
taacaccccc tagcaaaact cacagagctt tccgtttttt tctttcctgt aaagaaacat 1200
ttcctttgaa cttgattgcc tatggatcaa agaaattcag aacagcctgc ctgtcccccc 1260
gcacttttta catatatttg tttcatttct gcagatggaa agttgacatg ggtggggtgt 1320
cccatccag cgagagaggt tcaaaagcaa aacatctctg cagtttttcc caagtaccct 1380
gagatacttc ccaaagccct tatgtttaat cagcgatgta tataagccag ttcacttaga 1440
caactttacc cttctgttcc aatgtacagg aagttagttc aaaaaaatg catattaatt 1500
tcttccccc aagccggtt ctttaattct tgcaaacact tgaggacatt tatgattgtc 1560
cctctgggccc aatgcttata ccagtgagg atgctgcagt gaggtgttaa agtggcccc 1620
tgccggcccta gcctgacccg gaggaaggga tggtagattc tgttaactct tgaagactcc 1680
agtatgaaaa tcagcatgcc cgcctagtta cctaccggag agttatcctg ataaattaac 1740
ctctcacagt tagtgatcct gtccttttaa cactttttt gtggggttct ctctgacctt 1800
tcacgtgaaa gtgctgggga ccttaagtga tttgcctgta attttgatg attaaaaaat 1860
gtgtatatat attagctaat tagaaatatt ctacttctct gttgtcaaac tgaaattcag 1920
agcaagttcc tgagtgcgtg gatctgggtc ttagttctgg ttgattcact caagagttca 1980
gtgctcatac gtatctgctc attttgacaa agtgccctcat gcaaccgggc cctctctctg 2040
cggcagagtc cttagtggag gggtttacct ggaacattag tagttaccac agaatacagg 2100
agagcagggt actgtgctgt gcagctctct aaatgggaat tctcaggtag gaagcaacag 2160
cttcagaaaag agctcaaaat aaattggaaa tgtgaatcgc agctgtgggt tttaccaccg 2220
tctgtctcag agtcccagga ccttgagtgt cattagttac tttattgaag gtttttagacc 2280
catagcagct ttgtctctgt cacatcagca atttcagaac caaaagggag gctctctgta 2340
ggcacagagc tgcactatca ctagcctttg tttttctcca caaagtatct aacaaaacca 2400
atgtgcagac tgattggcct ggtcattggt ctccagagga ggaggtttgc ctgtgatttc 2460
ctaattatcg ctagggccaa ggtgggattt gtaaagcttt acaataatca ttctggatag 2520
agtctggga ggtccttggc agaactcagt taaatctttg aagaatattt gtagttatct 2580
tagaagatag catgggaggt gaggattcca aaaacatttt atttttaaaa tatcctgtgt 2640
aacacttggc tcttggtaac tgtgggttag catcaagttc tccccagggt agaattcaat 2700
cagagctcca gtttgcattt ggatgtgtaa attacagtaa tcccatttcc caaacctaaa 2760
atctgttttt ctcatcagac tctgagtaac tggttgctgt gtcataactt catagatgca 2820
ggaggctcag gtgatctgtt tgaggagagc accctaggca gcctgcaggg aataacatac 2880
tgggcgttct gacctgttgc cagcagatac acaggacatg gatgaaattc ccgtttcctc 2940
tagtttcttc ctgtagtact cctcttttag atcctaagtc tcttacaaaa gctttgaata 3000
```

ctgtgaaaat gttttacatt ccatttcatt tgtgttgttt ttttaactgc attttaccag3060
atgttttgat gttatcgctt atgttaatag taattcccgt acgtgttcat tttattttca3120
tgctttttca gccatgtatc aatattcact tgactaaaat cactcaatta atcaataaaa3180
a 3181

5

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 7:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

10 (A) LÄNGE: 1964 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

15 (ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

20 (iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

25

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO:7

30

gcaacatgtc tgccaccaac attggcattc ctcacacgca gagattgcaa gggcaaatgc 60
cagtgaaggg gcacatttcc atccgctcca agtctgcgcc actgccctct gcggctgctc 120
accagcagca gctgtatggc cgtagcccat cggcagttgc catgcaggct ggccctcgcg 180
cactggctgt tcagcgtggc atgaacatgg gggttaatct gatgcctact ccgcctata 240
35 atgtcaattc catgaatatg aacaccttga atgcatgaa cagctatcga atgacacagc 300
ccatgatgaa cagcagttac catagttaacc ctgcctacat gaaccagaca gcacagtatc 360
ctatgcagat gcagatggga atgatgggga gccaggccta taccagcag cctatgcagc 420
ctaaccctca tgggaacatg atgtacacag gccctccca tcacagctac atgaacgctg 480
ctggcgtgcc caagcagtca ctcaacggac cttacatgag aagatgagca agatgaactt 540
40 gcaatcaaaa acttaaatat atataaataa aggaaccttt tatactgaca aaccagagaa 600
aaatggacct tttccagtt aaaatattgc tgtagattta gaggaatttt tctttggttt 660
attttatttt tttagaaaacc tgatcttctc tttttttggg ttcattttgt tctgggtttt 720
ggttttcttc acaatcttga acattttaca gtagaactca tctaaaaatg gatttgggga 780
tggggaaaca tgcacaaaat cttttcataa ttaaaaagag cttactttc tttacatacc 840
45 acatggacag aatttgtgta aaagtgaatt atctttattt taaaatgtat gtttccctc 900
actgtttgca gctcccaatg ttgtcatttt taaatgttat atacatctca agggttaacc 960
agaccctttc ctccaaaccc aacctttcat ttcctacttc attccagcag gaggcactta1020
ggggagactc ggatggggac atggagaaca acccaagctc cttaaaactat taaagtggag1080
caggaaaatg cttctccttt taaaatcccc tccactcctc acacacacac acctcttgaal140
50 acccttcccc aagaatgttt ctttatagac ggaacttcatt gaaatctttg ttgttcttga1200
atcaagtgtg atataatttt tttcttcttt tttaaaatat tccactcag cactcagaga1260
cacaaaaata ctgtaagtct caattaacag cagaatctca gagaaaagct gtttgcaatc1320
caaatccagc ctttgaggga atagagatgg tcaattaaca atcaaaaaga ggagattaac1380
ctcttggttt tttaccacct ggtgaatcag ccataacgca cacacacgcc acccagcctc1440
55 ttgtttctag tatgtacttt gaaatgctaa ctgagggctc tgatgcttga gcctttgact1500
gataaaactc aaatagcagt cccagtgat ttgcctctta ggttctttct taaattgttg1560
gtggatgact gtacatttta gtgatttgaa aaataactga caaacattg aaacagttta1620
ttttatgttg gaagagatgg cgcagatgtg tgtcagaagg gagatcacgg tgtgagtttc1680

gtagctatatt aagtgatata tacctctagt ttttgtatgt cttttgagat cctgagttcal740
 tccccgtga atcagagtgc acaagcacct ctccgtgtgag tggctaata gaagaggac1800
 agaccgacca ccagcacagt agggcagatc tggacagcag aatgttataa cgcaagttcal860
 tgtgttgctc ccaactccat tctcttttct ctctgtgcaac cagtttgccc attctcttcc1920
 5 tattacttgc tccaggata ggtaaaaaaa aaaaaaaaaa aaaa 1964

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 8:

10

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 1702 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRANG: einzel

15

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
hergestellte partielle cDNA

20

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

25

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

30

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 8

ggacacccca ggtatgtgga cgagcagttc ctgtcacgcc tcttccctatt tgtggccctg 60
 gtgatcatgt tctggctcct gattgcctaa tgcctgggctc ctgcgtacat cctgtggcagg 120
 35 gctctggact ggtgacgtgc caccccaact cctgggtgtt ggcttccctg ctaatcttga 180
 ctcttggaat cagtgggac agtaacacat caaggagtct tgtttcttca tcagagcttt 240
 ggaactcgag accagttggc gatgacccct gaatatcgcc accgctgtaa acactctata 300
 acttcaggcc ttggcattga gtcactctct atgggtgaca ccatgaaatc ttgtttcagc 360
 cagttctgca ggtcctgact ctgcagagg aagaggcaga aagagagaaa ctgtcagagt 420
 40 ataatttcac ctgagtttaa tattacagaa acaaagggat gcaccaaag gtatttcttg 480
 aaattttcat gtctttaaat accccttggg aagttgcttc tgaagccagt gggggctcct 540
 cagatagaga ggttccccc tcaaattccca gtgcgcctct gttctctttc cttccccctc 600
 cactccccct cttcttctc tgtagagatg caagaaattg ctgtcccata aaaatcataa 660
 ttgcagtagc taaagctggg gtcacttcgt gaattcacca gagactcaaa gatcttttat 720
 45 tggctctggg ctgtgctcag tgtctttggc ctgagagaac aacttgaatg acttctcgtt 780
 ttcttggeat aaattattcc tggtagaca tgtggcttaa ctacaggtt tcccatcagc 840
 tttctcccta aaactatgtt catctgcctc tctctgccag agaacataca gccgagaata 900
 ctgccgaagc tgagactgac tactgtgcat taggaaagac ctggagtcag gactttggtg 960
 ggatttgag ctccgaggca gtaataactg aacaagcagc cctgtccccc aggtctcaga1020
 50 agcttgaaag catctctccc cagaacctgc cacaggaaac tgggggcttt gtcaggtcag1080
 cccaactgca tgcaaaagac caccatctc agaagccaag ttgtctttta tgaagaggca1140
 aggaaagggg aaaccacat gtgacctga ttttggtatg gcttgataga gtccctgaa1200
 aactccttgt atgtgtgcta aaaccaggga agcatgtgac tgccaagcag gcaaccctg1260
 atgatttga aagccagggt gcagggcctt ggggagcccc agcacaatga tattgtgtgg1320
 55 tcttccctcc tgtggaatcg aggggaatt attcttccca ataccttgat ttgattttca1380
 gtttcataag cttcttctc tgaatcttat tgagggacta tggtagcaag caggtaggac1440
 tgttcacctg gtggaacagt tcttgcctcg ccttctaggc ttcaccccag aaatccagcc1500
 tctttctgga gaccccaag ctggaggagg atgggcttct ctctgggcct ctcttctac1560

tttgccatcc acactgctcc tggctaacc cagcaagaac caacaaatgg gtaggggaagc1620
 cccatctaatt tggctttttt tcttcaatta tggacgtgca ttgttttggt tgggaacaa1680
 aggttttgga ggggagatgt gg 1702

5

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 9:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- 10 (A) LÄNGE: 2067 Basenpaare
 (B) TYP: Nukleinsäure
 (C) STRANG: einzel
 (D) TOPOLOGIE: linear

15 (ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
 hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

20

(vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH
 (C) ORGAN:

25

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

- (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 9

30 gccgcaggct cccgggtgttc ccatttcgag aggagctcct ggctgctatt gcaaatcacc 60
 aagtcctcat cattgaaggc gagacagggt caggggaagac caccagatc ccgcagtatc 120
 tctttgagga gggttataca aacaagggt tgaagattgc ctgcacccaa ccccgagag 180
 tggctgccaat gagtgtggcc gcccgagtgg cccgggagat ggggtgtgaag cttgggaatg 240
 aggttggtta cagcatccgc tttgaggact gcacatcaga gcgaactgtc ctccgctaca 300
 35 tgacagatgg gatgcttctc cgggagttcc tctctgagcc tgacctggcg agttacagcg 360
 tgggtgatggg ggatgaggca cacgaaagga ccctacacac agacattctc tttggattga 420
 tcaaggatgt tgctcgttcc cgacctgagc tcaaggctcct ggtggcttca gccacaatgg 480
 acactgcccg tttttccacc ttctttgatg acgcccctgt gtttcgaatc cccggacgca 540
 ggtttcctgt ggacatcttc tacaccaagg ctccagaggc tgactacttg gaagcttgtg 600
 40 tagtatctgt gttgcagatc catgtgacct agccccctgg ggatatacctg gtgttctctga 660
 caggacagga ggagattgag gctgcctgtg agatgctcca ggatcgctgc cgccgctctg 720
 gctccaaaat cccggagctc ctggtgctgc ccatttatgc caatctgccc tctgacatgc 780
 aggcccgtat ctccagccc acaccacctg gggcacgaaa ggtggttgtg gcaacgaaca 840
 ttgctgagac atcaactcacc attgagggca tcatttatgt gctggatcca gggttctgta 900
 45 agcagaagag ctacaacccc cgcacaggca tggaaatcgct cactgtcaca cctgcagca 960
 aggccctcagc caatcagcga gctggcaggg caggctcggg ggctgcaggg aagtgttcc1020
 gcctgtatac cgcctgggccc tatcagcacg agcttgagga aaccacagtg cctgagatcc1080
 agaggaccag cttgggcaat gtctgtttgc ttgctcaagag cttagggatc catgacctaa1140
 tgcaactttga tttcctggac cctccaccat atgagacact gctgctggct ttggagcagc1200
 50 tgtatgctct gggagccctc aaccaccttg gggagctcac cacgtctggt cgaaagatgg1260
 cagagctgcc ggtggacccc atgctgtoca aaatgatctt agcctctgag aagtacagct1320
 gttcagagga gatcctgaca gtggtgcca tgctctctgt caacaactcc atcttctacc1380
 gaccaaagga caaggtcgtc catgctgaca atgctttaca cacagtgggc tgagagtggg tactcttccc1500
 gtgaccacct ggttctgcta aatgtttaca cagagtgggc cagagcccg gatgtgcggg1560
 55 agtggtgcta tgagaacttt gtacagttca gatcgatgcg ccgagcccg gatgtgcggg1620
 aacagctgga agggctcttg gaacgtgtgg aagtgtgtct cagttcctgc caggggact1680
 atatccgtgt acgcaaggcc atcaactctg gttactttta ccacacggca cggttgactc1680
 ggagtggcta ccgcacagtg aaacagcagc agacagtctt cattcatccc aactcctccc1740

tctttgagca acagccacgc tggctgctct accacgaact tgtcttgacc accaaagagt1800
 tcatgagaca ggtactggag attgagagca gttggcttct ggaggtggct cccattatt1860
 ataaggccaa ggagctagaa gatcccatg ctaagaaaaat gcccaaaaaa ataggcaaaa1920
 cagcagaaga gctagggtaa gagaaggacg taaacagAAC ctgacaccag ctccctttcc1980
 5 ttctatacat tatttaatac ctattaaata aaattatittt tggaataaag cttgtgggaa2040
 catttgggat ctagaaaaaa aaaaaaa 2067

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 12:

10

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 2548 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRANG: einzel

15

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
hergestellte partielle cDNA

20

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

25

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

30

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 12

gccgcagccc tcatctgcca ccgcagctctg gttggagctg ttgtcttgta tgctcagcga 60
 ggcccggaga gacccgggag agagctaggc cgagtcaccc gcccgagtct gctgcccagag 120
 35 cccgcgttac gcacaaagcc gccgatcccc ggctgggggt gacgagagcg accaccgccc 180
 gggagcagcg cggcgagacg cacggtgcgc cctatgcccc cgcccccca ccgccccgc 240
 cgcggcagcc gaagcgagc gagagaacgc gccaccgcgg gccccgggtg cagctagcga 300
 cctctctgcc acctgcgcgc agcccgaggt gagcagttag cggcgagcgg gagggcagcg 360
 aggcgttcgc gggccccctc ctgctgcccg ggccccggcc tcatggcggc catccgcaag 420
 40 aagctggtgg tggtagggca cggcgctgtt ggcaagacgt gctgctgat cgtgttcagt 480
 aaggacgagt tccccgaggt gtacgtgccc accgtcttcg agaactatgt ggccgacatt 540
 gaggtggacg gcaagcaggt ggaggtggcg ctgtgggaca cggcgggcca ggaggactac 600
 gacccgctgc ggccgctctc ctaccgggac accgacgtca ttctcatgtg cttctcgggt 660
 gacagccccg actcgtctga gaacatcccc gagaagtggg tccccgaggt gaagcacttc 720
 45 tgtcccaatg tgccatcat cctggtggcc aacaaaaaag acctgcgcag gacgagcatg 780
 tccgcacaga gctggccccg atgaagcagg aaccctgcg cacgcatgac ggccgcgcca 840
 tggcgtgctg catccaagcc tacgactacc tcgagtgtc tgccaagacc aaggaaaggcg 900
 tgccgagagt cttcgagacg gccacgcgcg ccgcgtgca gaagcgtac ggctcccaga 960
 acggtgcat caactgctgc aaggtgctat gagggccgcg cccgtcgcgc ctgccccctgc1020
 50 cggcacggct cccctcctg gaccagtccc ccgcgagccc ggagaagggg agaccctgt1080
 cccacaagga cccaccggc ctgcctggca tetgtctgct gacgcctctg gcttgcccca1140
 ggacttgctg tgggcaccgg gcgcccccat cccagtgtct gtgtgctgc agctgtgtt1200
 cacaggcctg ggctccccac tgagtgcaca gggctccccg agcatgcttt tctgaagagc1260
 cgggcctcag agtgtgtgct tgtgtgtctg ttgactccc ctgccccat tttcaccccc1320
 55 cccccgcctc tgatccccg gggcgagatt ggcgcgggag tgtggccgc ccccatcaga1380
 tgttcgcctc tcaccagcg gagcttgata tccctgtct gtaacataga ccccggtac1440
 tgccggaggg gagggctgct ggggaggatg gggggatgtt atataaatat agatataatt1500
 ttattttcgc agctaagatg gtgttattta aggtgtgtga tgggtgagcg ctctggcccc1560

```

ggctggggcca gactcccgcc caagcatgaa caggacttga ccatctttcc aaccctggg1620
gaagacattt gcaactgact tggggaggac acagcttcag cacagcctct cctgcgggcc1680
agcccgctgc gaacctcca ccagctaccg gagggaggag ggaggatgag ctgtgggggt1740
gtttttgcca taagcgaact ttgtgcctgt cctagaagtg aaaattgttc agtccaagaal800
5 actgatgtta ttgatattat ttaaaggcta aaatttgatt tttattctt tgcacaattg1860
tttcattggt tgacacttaa tgcactcgtc atttgcatac gacagtagca ttctgaccac1920
actgttacgc tgtaacctca tctacttctg atgtttttta aaaatgactt ttaacaagga1980
gagggaagaag aaacctacta aattttgctt tgtttccttg aagaatgtgg caacactgtt2040
ttgtgatttt atttgtgcag gtcattgcaca cagttttgat aaagggcagt aacaagtatt2100
10 ggggcctatt tttttttttt tccacaaggc attctctaaa gctatgtgaa attttctctg2160
cacctctgta cagagaatac acctgcccct gtatatcctt tttccctc cctccctcc2220
cagtggtagt tctactaaat tgttgccttg tttttattt tttaaataaa ctgacaaatg2280
acaaaatggt gagcttatga tgtttacata aaagttctat aagctgtgta tacagttttt2340
tatgtaaaat attaaaagac tatgatgatg acatttttat aaaagaaatc ttgtggttta2400
15 atagtgtgta aaaataccct tgtgaatttg gaacaaggga gatattctcc taggcgagat2460
cctttcttgc caactccgtt tcccttatag caaatgtagt aaatgaggat gaagtcctct2520
tgagagcatg tgggggttgg gtgaccaa 2548

```

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 13:

20

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 1673 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRANG: einzel

25

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

30

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

35

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

40

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 13

```

accaatgcac atgtagtaat caaatgtttg ggctagata ttatgggata caaaaaacat 60
taaaatcatg tggtttgcaa gcaaaagcaa catttttgcc aatgtttgca aattggccac 120
45 aaccacaaat tcaagaaatt ttttaaaaag acaaaagcaa gcttacaag atttgaccaa 180
taaaacctct cgagccaca gccctatcag ctgggggttg ggaagactg gtctaggtgc 240
tgctcctgaa cttggtctct gagccatggc ttcccataga cactcaggtc cctccagcta 300
caagtggtggc accatggcgg agaagtttga ctgccactac tgcagggatc ccttgagggg 360
gaagaagtat gtgcaaaagg atggccaacca ctgctgcctg aaatgctttg acaagttctg 420
50 tgccaacacc tgtgtggaat gccgcaagcc catcggtgcg gactccaagg aggtgacta 480
taagaaccgc ttctggcatg acacctgctt ccgctgtgcc aagtgccttc accccttggc 540
caatgagacc tttgtggcca aggacaacaa gatectgtgc aacaagtgca ccactcgga 600
ggactcccc aagtgaagg ggtgcttcaa ggccattgtg gcaggagatc aaaacgtgga 660
gtacaaggg accgtctggc acaaagactg cttcacctgt agtaactgca agcaagtcac 720
55 cgggactgga agcttcttcc cttaaaggga ggacttctac tgcgtgactt gccatgagac 780
caagtttgcc aagcattgcg tgaagtgcac caaggccatc acatctggag gaatcactta 840
ccaggatcag ccctggcatg ccgattgctt tgtgtgtgtt acctgctcta agaagctggc 900
tgggcagcgt ttcaccgctg tggaggacca gtattactgc gtggattgct acaagaactt 960

```

WO 99/54460

```

tgtggccaag aagtgtgctg gatgcaagaa ccccatcact gggtttggt aaggctccag1020
tgtggtggcc tatgaaggac aatcctggca cgactactgc ttccactgca aaaaatgctc1080
cgtgaatctg gccaacaagc gctttgtttt ccaccaggag caagtgtatt gtcccactg1140
tgccaaaaag ctgtaaactg acaggggctc ctgtcctgta aaatggcatt tgaatctcgt1200
5 tctttgtgtc cttactttct gcctataacc atcaataggg gaagagtggc ccttcccttc1260
tttaaagtgc tccttcgcgc ttttctccca ttttacagta ttactcaaat aagggcacac1320
agtgatcata ttagcattta gcaaaaagca accctgcagc aaagtgaatt tctgtccggc1380
tgcaatttaa aaatgaaaac ttaggtagat tgactcttct gcatgtttct catagagcag1440
aaaagtgcta atcatttagc cacttagtga tgtaagcaag aagcatagga gataaaaccc1500
10 ccactgagat gcctctcatg cctcagctgg gacccaccgt gtagacacac gacatgcaag1560
agttgcagcg gctgctccaa ctcaactgct caccocgtt ctgtggagcc gggagaagg1620
accctactgg accatggcat ggggttaact ttctctatca ggactctggc cct 1673

```

15 (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 14:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 1593 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

20 (C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
hergestellte partielle cDNA

25

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

30 (vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

35 (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 14

```

ggggccagga cgcgcgccgg cgcggagtgg ctgccctgcg cggggacact cagagcccg 60
40 tgggcgggag gaaggcggca tgcccagac ggtgatcctc ccgggccctg cgcctgggg 120
cttcaggctc tcagggggca tagacttcaa ccagcctttg gtcatacca ggattacac 180
aggaagcaag gcgcactgc caacctgtgt cctggagatg tcactctggc tattgacggc 240
tttgggacag agtccatgac tcattgtgat gcgcaggaca ggattaaagc agcagctcac 300
cagctgtgtc tcaaaattga caggggagaa actcacttat ggtctccaca agtatctgaa 360
45 gatgggaaag cccatccttt caaaatcaac ttagaatcag aaccacagga attcaaacc 420
attggtaccg cgcacaacag aagggccag ccttttgttg cagctgcaaa cattgatgac 480
aaaagacagg tagtgagcgc ttctataaac tcgccaattg ggctctatto aactagcaat 540
atacaagatg cgttcacgg acagctgcgg ggtctcattc ctactcacc tcaaaacgag 600
cccacagcct cgtgcctccc cgagtcggac gtgtaccgga tgctccacga caatcggaat 660
50 gagccacac agcctcgcca gtcgggctcc ttcagagtgc tcagggaat ggtggacgat 720
ggctctgatg accgtccggc tggaacgcgg agtgtgagag ctccggtgac gaaagtccat 780
ggcgttcag gcggggcaca gaggatgccc ctctgtgaca aatgtgggag tggcatagtt 840
ggtgctgtgg tgaaggcgg ggataagtac cggcaccctg agtgcttcgt gtgtgccgac 900
tgcaacctca acctcaagca aaagggtac ttctcatag aaggggagct gtactgcgaa 960
55 acccacgcaa gagccgcac aaagccccc gagggctatg acacggtcac tctgtatccc1020
aaagcttaag tctctgcagg cgtggcacgc acgcacgcac ccaccacgc gcacttacac1080
gagaagacat tcatggcttt gggcagaagg attgtgcaga ttgtcaactc caaatctaa1140
gtcaaggctt tagaccttta tctattgtt tattgaggaa aaggaatggg aggcaaatgc1200

```

WO 99/54460

ctgctatgtg aaaaaaacat acacttagct atgttttgca actctttttg gggctagcaal260
 taatgatatt taaagcaata attttttgta tgtcatactc cacaattttac atgtatatta1320
 cagccatcaa acacataaac atcaagatat ttgaaggact ctaattgtct ttccttgaca1380
 agttgatatt gcaattgtgg taaatagcaa ataacaatct tgtattctaa cataatctgc1440
 5 agttgtctgt atgtgtttta actattacag tgcattgttag ggagaaattc cctgaatttc1500
 tttagttttg tattcaaaca attatgccac tcgatgcaac aaacataata aatacataaa1560
 agatttaaaa aataaaaaaa aaaaaaaaaa aaa 1593

10

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 17:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

15

- (A) LÄNGE: 1722 Basenpaare
 (B) TYP: Nukleinsäure
 (C) STRANG: einzel
 (D) TOPOLOGIE: linear

20

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

25

(vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH
 (C) ORGAN:

30

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

- (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 17

35 cattgtttgc caaaatccca ggcagcatgg acctcagtct tctctgggta cttctgcccc 60
 tagtcacccat ggccctggggc cagtattggcg attatggata cccataccag cagtatcatg 120
 actacagcga tgatgggtgg gtgaatttga accggcaagg cttcagctac cagtgtcccc 180
 aggggcaggt gatagtggcc gtgaggagca tcttcagcaa gaaggaaggt tctgacagac 240
 aatggaacta cgcttgcattg cccacaccac agagcctcgg ggaacccacg gagtgtctgt 300
 40 gggaggagat caacagggct ggcattggaat ggtaccagac gtgctccaac aatgggctgg 360
 tggcaggatt ccagagccgc tacttcgagt cagtgtctgga tcgggagtggt cagttttact 420
 gttgtcgtca cagcaagagg tgcccatatt cctgctggct aacaacagaa tatccaggtc 480
 actatggtga ggaaatggac atgatttcct acaattatga ttactatata cgaggagcaa 540
 caaccacttt ctctgcagtg gaaagggatc gccagtggaa gttcataatg tgccggatga 600
 45 ctgaatacga ctgtgaattt gcaaattgtt agatttgcca cataccaaat ctgggtgaaa 660
 ggaaaggggc cggggacagg aggggtgtcca catatgttaa catcagtttg atctcctata 720
 gaagtttctg ctgctctctt tcttctctcc tgagctggta actgcaatgc caacttctgt 780
 ggcttttctg actagtatca cacttctaat aaaatccaca attaaaccat gtttctcact 840
 ttccacatgt ttcatagcaa ctgctttata tgactgatga tggcttctct gcacaccaca 900
 50 tatacagtgc gcatgcttac agcggggtt ctggagcacc agctgcagcc tggctactgc 960
 tttttactgc agaatgaact gcaagttcag catagtggag gggagaggca gaactggagg1020
 agaggtgcag tgaaggttct ctacagctaa gctgttttga atgatacgtg ggttccccac1080
 caaaagcagg ctttctgccc tgaggagcat cttcccaact cctgctoca catgagccat1140
 gcatgcttag caatccaagt gcagagctct ttgctccagg agtgaggaga ctgggaggtg1200
 55 aaatggggaa atggaagggt ttggaggcag agctgaaaac aggggtggaa ggatttctctg1260
 aattagaaga caaacgttag cataccaggt aaggaaaatg agtgaggagg ccagggggaac1320
 ccgtgaggat cactctcaaa tgagattaaa aacaaggaag cagagaatgg tcagagaatg1380
 ggattcagat tgggaacttg tgggatgag agtgaccagg ttgaaactggg aagtggaaaa1440

aggagtttga gtcactggca cctagaagcc tgcccacgat tcctaggaag gctggcagac1500
 accctggaac cctggggagc tactggcaaa ctctcctgga ttgggcctga tttttttggt1560
 gggaaaggct gccctgggga tcaactttcc ttctgtgtgt ggctcaggag ttcttctgca1620
 gagatggcgc tatctttcct cctcctgtga tgtcctgctc ccaaccattt gtactcttca1680
 5 ttacaaaaga aataaaaata ttaacgttca ctatgctgaa aa 1722

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 18:

10 (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 1648 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

15

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

20

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

25

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

30 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 18

tgaccaagaa acagggccta aggatcattt tctcggatgc atcacggctc atcttccggc 60
 tcagtctctc cagtgggtgt cgggccaccc tgcagactgt acgcagagag ctacgagagg 120
 gatcccagcg gccatgacca ggagccacag gcagtgtctga gccctctcat agccatcgca 180
 35 ctgaaaatat cccagattca tgagagaact ggccggaggg gacccactgt catcacctga 240
 atagaggaaa gatcactcac cagggccaaa gagagtgtctc agcgggagat gcttcaactga 300
 tgccttcttg ctacctgttt gtgcctctta tgacttttga aaaacaaaag atattttgct 360
 tttgggggat agaggggtgg tgggaaaaga aaaaaaatcc atttggtttt ggttttgtcc 420
 tattctcca aatgcagcag ggcctttagt tgtctgttaa agctgcacta taatttggtg 480
 40 tctacatttt atcacacaaa ggaacctccc cttttgacaa caactgggct aggcagctgt 540
 taatcacacac atttgtgcat cacttgtgcc aagtgaagaa atgttctaaa atcacagag 600
 agaacagtgc cagaatgaaa ctgacctaa gtcccagggt cccctgggca ggcagaagg 660
 gacactccca gcatggagga gggtttatct ttctaccta ggtcaggtct acaatggggg 720
 aaggttttat tatagaactc ccaacagccc acctcactcc tggcaccac ccgatggccc 780
 45 tgcctcccc atcccatccc caacatccct gtaccacctt ctctcacatc ttctaaagct 840
 ttgtacaaat cacaatgggt cacttccaac aaaatatatc aataggtgtt ttctctctt 900
 attttgtaaa tagtattatt ttagctatta agctggatac cttctttcaa attcagccat 960
 tcagttgtaa agttgggaag aagtttcttg acaagactct gcaattaaat gcttaaaatt1020
 tggaggggat ctttcttga ttacatcaag tatgttggtg catgggttta tacaagttcc1080
 50 tcttgagaag gcaaaaagac caccatgtgt gagagctctt tgacttggcc aataggggccc1140
 tatcttaatg cacttgtttg gacacatttc tgatcttatt tgtaaaggct gcaaaaggag1200
 aggatgaaat gctgtaaaag taggaaatga agtggaagct ggaagaaaat gtaattggtg1260
 gtacagctat gggccagatg gtggagggga ggggtggggac ccctgccggc aagcagagt1320
 tcacagctgg ctttccctcac ttgggaaaag ggtactgccg gtctagcagc ctctctgtal1380
 55 ctcagccagg acaccagcg cgtgggacct gtttgtgtct gttttgcttc cttgggaacg1440
 gcacagtcac tcacctgcc atttgcgga atgacctggt gcactttgac tgttaagcaa1500
 tgcgttattg ctgtagtcaa ggttagtgca agcaaggaaa cattcccagt aagggtattg1560
 tttccatttt ctgtctgtgc ttctgtcaga aacttgctag gacttttagt gccataaaa1620

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 20:

- 5 (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:
(A) LÄNGE: 1610 Basenpaare
(B) TYP: Nukleinsäure
(C) STRANG: einzel
10 (D) TOPOLOGIE: linear
- (ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
hergestellte partielle cDNA
- 15 (iii) HYPOTHETISCH: NEIN
- (iii) ANTI-SENSE: NEIN
- (vi) HERKUNFT:
20 (A) ORGANISMUS: MENSCH
(C) ORGAN:
- (vii) SONSTIGE HERKUNFT:
(A) BIBLIOTHEK: cDNA library
- 25 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 20

g c g c g c t g a t t g g a c g c g t g g g c g a g g c g g a g g a g a g c c g t g c g c a c g g c g t a t g t g g g 60
g c c g t g t g c a g a c c c g c g t g g g c g a g g c a a g g a c c c t c a a a t a a a c a g c c t c t a c c t 120
30 t g c g a g c c g t c t t c c c c a g g c e t g c g t c c g a g t c t c c g c c g c t g c g g g c c c g t c c g a c g 180
c g g a a g a t c t g a c t g c a g c c a t g a g c a g c a a t g a g t g c t t c a a g t g t g g a c g a t c t g g c c 240
a c t g g g c c c g g g a a t g t c c t a c t g g t g g a g g c g t g g t c g t g g a a t g a g a g c g t g g c a 300
g a g g t t t c c a g t t t g t t t c t o g t c t c t t c c a g a t a t t t g t t a t c g c t g t g g t a g t c t g 360
g t c a t c t t g c c a a g g a t t g t g a t c t t c a g g a g a t g c c t g c t a a c t g c g g t a g a g g t g 420
35 g c c a c a t t g c c a a g g a c t g c a a g g a g c c c a a g a g a g a g c g a g a c a a t g c t g c t a c a a c t 480
g t g g c a a a c c a g g c c a t c t g g t c g t g a c t g c g a c c a t g c a g a t g a g c a g a a t g c t a t t 540
c t t g t g g a g a a t t c g g a c a c a t t c a a a a a g a c t g c a c c a a a g t g a a g t g c t a t a g g t g t g 600
g t g a a a c t g g t c a t g t a g c c a t c a a c t g c a g c a a g a c a a g t g a a g t c a a c t g t t a c c g c t 660
g t g g c g a g t c a g g g c a c c t t g c a c g g g a a t g c a c a a t t g a g g c t a c a g c c t a a t t a t t t t 720
40 c c t t t g t c g c c c t c c t t t t t c t g a t t g a t g g t t g t a t t a t t t c t c t g a a t c c t c t t c a 780
c t g g c c a a a g g t t g g c a g a t a g a g g c a a c t c c c a g g c c a g t g a g c t t t a c t t g c c g t g t a 840
a a a g g a g g a a a g g g g t g g a a a a a a c c g a c t t t c t g c a t t t a a c t a c a a a a a g t t t a t 900
g t t a g t t t t g t a g a g g t g t t a t g t a t a a t g c t t t g t t a a a g a a c c c c t t t c c g t g c c a 960
c t g g t g a a t a g g a t t g a t g a a t g g g a a g a g t t g a g t c a g a c c a g t a a g c c g t c c t g g g 1020
45 t t c c t t g a a c a t g t t c c c a t g t a g g a g g t a a a c c a a t t c t g g a a g t g t c t a t g a a c t t c 1080
c a t a a a t a a c t t a a t t t t a g t a a t g a t g g t c t t g g a t t g t c t g a c c t c a g t a g c t a t 1140
t a a a t a a c a t c a a g t a a c a t c t g t a t c a g g c c c t a c a t a g a a c a t a c a g t t g a g t g g g a g 1200
t a a c a a a a a g a t a a a c a t g c g t g t t a a t g g c t g t t c g a g a g a a t c g g a a t a a a a g c c t 1260
a a a c a g g a a c a a c t t c a t c a c a g t g t t g a t g t t g g a c a c a t a g a t g g t g a t g g c a a a g g t 1320
50 t t a g a a c a c a t t a t t t t c a a a g a c t a a a t c t a a a c c c a g a g t a a a c a t c a a t g c t c a g a 1380
g t t a g c a t a a t t t g g a g c t a t t c a g g a a t t g c a g a g a a a t g c a t t t t c a c a g a a t c a a g 1440
a t g t t a t t t t g t a t a c t a t a t c a c t t a g a c a a c t g t g t t c a t t t g c t g t a a t c a g t t t 1500
t t a a a a g t c a g a t g g a a a g a g c a a c t g a a g t c c t a g a a a a t a g a a a t g t a a t t t a a a c t 1560
a t t c c a a t a a a g c t g g a g g a g g a a g g g g a 1610

55

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 21:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 1108 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 21

```
25 ggaggcgcg ggagagtagg gtgctgtggt ctgagctaga gggagaagct ggcggacagg 60
aggatgggag tatgcagggt atagactaga gaacaagacc tctgtctccg tagcatcctg 120
ggcgagcagt ctgaatgcca gaatggataa cgtttttgct acagcatttg taattgcttg 180
tgtgcttagc ctcatctcca ccctctacat ggcagcctcc attggcacag acttctggta 240
tgaatatcga agtccagttc aagaaaattc cagtgatctg aataaaagca tctgggatga 300
attcattagt gatgaggcag atgaaaagac ttataatgat gcactttttc gatacaatgg 360
30 cacagtggga ttgtggagac ggtgtatcac cataccctaa aacatgcatt ggtatagccc 420
accagaaagg acagagtcac ttgatgtggt cacaataatg gtgagtttca cactaaactga 480
gcagttcatg gagaaatttg ttgatcccgg aaaccacaat agcgggattg atctccttag 540
gacctatctt tggcgttgcc agttcctttt accttttggt agtttaggtt tgatgtgctt 600
tggtgctttg atcggacttt gtgcttgcat ttgcccgaagc ttatatccca ccattgccac 660
35 gggcattctc catctccttg caggctctgtg tacactgggc tcagtaagtt gttatgttgc 720
tggaattgaa ctactccacc agaaactaga gctccctgac aatgtatccg gtgaatttgg 780
atggtccttc tgcttggtt gtgtctctgc tcccttacag ttcatggctt ctgctctctt 840
catctgggct gctcacacca accggaaaga gtacacctta atgaaggcat atcgtgtggc 900
atgagcaaga aactgcctgc tttacaattg ccatttttat ttttttaaaa taatactgat 960
40 attttcccca cctctcaatt gttttaattt ttaaattggg ggatatacca ttttattatg 1020
gaaaatccat ttaatttata caccattcac cactaaatac ccccttaaat accccctaaa 1080
atthaagggg ggttacctta aagcgatg 1108
```

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 22:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 675 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

5 (vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH
(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:
10 (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 22

```
15 agggaaagag agagagagggc ctagacgaac acaatcacat gttttctttg ctgttctctcc 60
cgggatgggc ctgtttttggg gtttgggact ctgaaccgga gcgggggttc ttcgcttgac120
tttgatcctg gtccttaaat gcctttcccc actccctcc cgtgggttca ggggccaagc180
ggccctcct cagagcacgg gcagcacgt ctctggacc cctgtgtgcc agcctctgca240
gacgcagctg gtgggaggga gcatggattt ggaggtggag aagtcactcc tggctctcg300
agggggtggg ctgtgtgcct agttcagtgt gactcgggga ttggtgaggg cggacagggt360
20 tctgaggcct ccctagcctt ctttgtaa tccacacgaga tagtcaggg ctttccagcg420
cccagcttgg atgataatcc tcgtgtcccc cactctaagg cctccttgag atttctttgg480
ggtctaccac gtctctgcc tgtctccagg tggtagagga gatgtgggtc ctgtccctct540
cctgggtccc tagggggccc caggggccct ccctgtagct ttagctgacc ccattggtggt600
gggtgtggg tctgtgcgcg tgctcaggta agcttggggg ctccaggtaa gcggtcccga660
25 agaacggggg gggag                                     675
```

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 23:

30 (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:
(A) LÄNGE: 350 Basenpaare
(B) TYP: Nukleinsäure
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

35 (ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

40 (iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH
45 (C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:
(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

50 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 23

```
55 agcagagcaa ggttgggttc gctcctctgg cagaacctcg gctctcagga ggtccttgtt 60
ccagggaaca gctgcttctc tgggggctgg ggcttctaac ttccctggca gccctcggc120
actaaccag ctggaacca ggggaacaaa cgccctggag tgccaaacc ttctgtctal80
ttttttccag aaaaacgggg gcaatggctg ttgaggagcc catttgggaa gaactggtgc240
```

ctctaattggg gcaaatggat tctgcagggg gctgcagttg ggcagggaaa attccttcaa300
acaaggggtt ccacccaaac ccaggccccg gcttcaaatg gccagaaaaa 350

5 (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 24:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- (A) LÄNGE: 746 Basenpaare
(B) TYP: Nukleinsäure
10 (C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
hergestellte partielle cDNA

15

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

20

(vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH
(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

25

- (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 24

ccccccctcc tccggctttt ttttttttat ttaagaaaat ttattttctac ttctacagca 60
30 gaaatacggg aatggtacag gtttgggcaa atcatacttt atgaaatgga tcttcataacc120
acatcctttt taatacaggc acgttataac ataattcctg gattttcaaa atccagccaa180
cacggatacc tctgctactc tgttttggcc ttcataagctg cttcctcttt cagacgagct240
ttctttttcta agttcaagct tgttaaagtc tctgtctctt gggcagcctt cttgccctca300
ataaccatga agatgcatcc taccaccgtc agggcaatca ttagatagct gatcttcact360
35 cgcacattgt tctttgcagc atcaagcatc tccaacgaga cagtctctgg gatttcactct420
tccttttttga agcgacctga ccataatgagg atctttttct gccaatccgt aggtttgtgt480
aaaggcactc tgttgtaagt gcgggatgga gctccgggac tttcctgtgg ttttgtgcaa540
aatccattta ttctcttcaa atcagagctt ctggttaagcc ttagagatga ggaaacatct600
ctttcacata acctaaaaca gcttcctgct gccaggcgca gaccgctgag gctccccatg660
40 gccacttgct actccgccga ccagcgagga acttcgccgg ggacggtggc gctggtgagc720
tcaatgtcac ccagcgttgg agtggg 746

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 25:

45

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- (A) LÄNGE: 217 Basenpaare
(B) TYP: Nukleinsäure
(C) STRANG: einzel
50 (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
hergestellte partielle cDNA

55

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

5 (A) ORGANISMUS: MENSCH
(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

10 (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 25

15 agtgtatggc agcaaatgag ggatcataac tctcagttta ttgatgatta ttcacacctca 60
gatggaggag tttatccgtc agccacttca gtttcgtctt aaaacaggag cccacaggac120
ccaagggaact atttaaggagg accaggaacc taggtttttt ctttcaaaaa attggcccta180
gcccataaaa tgaaggaaaa aattaggcac cttttttt 217

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 26:

20

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 392 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRANG: einzel

25

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
hergestellte partielle cDNA

30

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

35 (A) ORGANISMUS: MENSCH
(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

40 (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 26

45 gcggatccgg cgttctccac tgatcttttc caaggctgta cagacatggc ggccgctttt 60
cggaaggcgg ctaagtcccg gcagcgggaa cacagagagc gaagcagtga ctaccgtaaa120
aaacaagaat acctcaaacg tcttcggaag aaggctcttg aaaaaaatcc agatgaattc180
tactacaaaa tgactcgggt taaactccag ggtggagtac atattattaa ggagactaag240
gaagaagtaa cccagaaca actaaagctg atgagaactt caggacgtca aatatatagg300
aagggaagag ggtgcagaag ctaagaaaat cgaagactaa aatcagggcc catctgcggg360
50 ttgcagggga ggcaggaaaa ggttggtttt tt 392

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 27:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- (A) LÄNGE: 1796 Basenpaare
(B) TYP: Nukleinsäure
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

5

- (ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
hergestellte partielle cDNA

- (iii) HYPOTHETISCH: NEIN

10

- (iii) ANTI-SENSE: NEIN

- (vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH
(C) ORGAN:

15

- (vii) SONSTIGE HERKUNFT:

- (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

20

- (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 27

cggtctgaac gtattagttg ttcttaattt ttttcccagt aaaatatgga tcttttaaga 60
agaatttgag aagcaaacia ttacatgtca tgtcaagggg gtagcagatt ccattcgttt 120
tcaatattgc cacaataccc agggattaat gctgccacag gggggcaatc tttatttgct 180
25 ttacttecta ccccttccct gttctgcctc ttttaactcag ttaagttggt ctgtttggga 240
cctggaaaag aacccaaaga aaacctgagt ggacaggttc atttctggaa tgcagaaaac 300
attttaaagg ctgatttttt agaataattc caactagcat tctttccatt gatttgaagg 360
ggaaattaac tattataatc tcttgaatcc aaaactggat attaagaact tccccctta 420
ctaagtttaa gacttttgct atgtggtgag tcaaataaga ccattttgat tgtaaacct 480
30 aaaatagttc agcaagtagc ccacagtctt ggcctaacag cagacttgct gttttcactt 540
ggtatcctgg agttgggttg ctaaccttaa tttctatgat gttttctaaa atgaaacttg 600
ataaagtaga ccaccagctg caccgtgttt tctgtaaaag tattgttagt aagtggccaa 660
gagacttgag gaaaatacag attttttggt taccttggtc ttgttttaag tcttaaaaaa 720
ttaagataaa cattataatg tagaatacag atgggacata gtccttgtaa gcttcccttg 780
35 aaaatgtttt aaatatttag gaagctttta aaagacacta aattgtactc taaaagacac 840
taaattgtac taattgtaca aaggtcaagc caattttatg aaacagtcct acagagtaat 900
atatgtgatg cagtgttaaga aggaaaatac tcactcttaa cattatggta ataacattta 960
gcctcttagg agttggagca gggggatggg taattacaga tttgcagact atagaaagag 1020
tttcattttt ttgtgacccc acagagtctc aaatttttat ttcactacct gctagagcct 1080
40 actgtgaaat cactgctcca tttttgccag tggaggaaat gggcatagag tagagaatag 1140
cttcataatg ttacacgttt gcatagacta cacacatgtc atgcgtttat ggcaggtagc 1200
tggtatttat tccccaaagt aataatgttg aagtatgggt ctcatcattc ccatacacag 1260
aaacacaaaa cactttgatc ataaactttt ttcttcagaa gccaaactaa cttgcagaat 1320
aatagagcca ctggtttaat gtttctctca gataggtttt agtgtaagct agtattctgt 1380
45 gtgttcgtag aaatgattca atacctgcag ctggtgaatt aggaattgta tttgttgctt 1440
tttttatatt agatgaggtg caaaaatttt aatgctagtc agtatgcacc accacaggaa 1500
agtttagatc cattagcact tgaaactaca gctttggaaa cttaggctaa gtttaatttg 1560
atttgttact tgattcacct actgaccttt tcttttggtt gaagtgccta tcagcataat 1620
gagctaagtg tcatgcatat ttgtgaagaa acaccctttt tgggtccctt tgggacagag 1680
50 aggtactcct tgatctttat gaatgacagg ttactgtttt gccttattgc ttaacttaat 1740
gtagtgaaat aaagcagaca aagcttgaag aaaaaaaaaa aaaaaaaaaa tcgacg 1796

55

- (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 29:

- (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- (A) LÄNGE: 2927 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

5 (ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

10 (iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH
(C) ORGAN:

15 (vii) SONSTIGE HERKUNFT:
(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO:29

20
gaagaaaaag aggaggaaaa aggtagggag aaataaaggg aggagagaag cacagtgaag 60
gaaaaaaaaa gtcccttttc gacatcacat tcctgtgttt tccctcagcc tggaaaacat 120
attaatccca gtgcttttac gcccggaac aaagagacta agccagacta tgggggaaag 180
ggagataaga aggatcctgg aactttaag agggaaagag tgagattcag aaatcgccag 240
25 gactggactt taaggacgt cctgtgtcag cacaaggac tggcacacac agacacacga 300
gaccgaggag aaactgcaga caaatggaga taaaagact tagaaggaca gtcctttca 360
cctcatccta cttgtccaga aggtaaaaag acacagccag aaagaaaagg catcggtca 420
gctctcagat caggacaggc tgtggatctg tggcggtact ctgaaagctg gagctgcagc 480
acaccccttt tgtattgtc accctcggtg aagagagaga gggctgggag gaaaagtagt 540
30 tcatctagga aactgtcctg ggaaccaaac ttctgatttc ttttgcaacc ctctgcattc 600
catctctatg agccaccatt ggattacaca atgacatgga gaatgggacc ccgtttcact 660
atgctgttgg ccatgtggct agtgtgtgga tcagaacccc acccccatgc cactattaga 720
ggcagccacg gaggacggaa agtgcccttg gtttctccgg acagcagtag gccagctcgg 780
tttctgaggc aactgggag gtctcgcgga attgagagat ccactctgga ggaaccaaac 840
35 cttcagcctc tccagagaag gaggagtgtg cccgtgttga gactagctcg cccaacagag 900
ccgccagccc gctcggacat caatggggcc gccgtgagac ctgagcaaaag accagcagcc 960
aggggctctc cgcgtgagat gatcagagat gaggggtcct cagctcgtgc aagaatgttg1020
cgtttccctt cggggtccag ctctcccaac atccttgcca gctttgcagg gaagaacagal1080
gtatgggtca tctcagcccc tcatgcctcg gaaggctact accgcctcat gatgagcctg1140
40 ctgaaggacg atgtgtactg tgagctggcg gagaggcaca tccaacagat tgtgctcttc1200
caccaggcag gtgaggaagg aggcaagggt agaaggatca ccagcgaggg ccagatcctg1260
gagcagcccc tggaccctag cctcatccct aagctgatga gcttctgaa gctggagaag1320
ggcaagtgtt gcatggtgct gctgaagaag acgctgcagg tggaggagcg ctatccatat1380
cccgtaggc tgggaagccat gtacgaggtc atcgaccaag gccccatccg taggatcgag1440
45 aagatcaggc agaagggtt tgtccagaaa tgtaaggcct ctggtgtaga gggccagggtg1500
gtggcgaggg ggaatgacgg tggaggggga gcaggaaggc caagcctggg cagcgagaag1560
aagaaagagg acccaaggag agcacaagtc ccaccaacca gagagagtcg ggtgaaggctc1620
ctgagaaaac tggcgcaccac tgcaccagct ttgccccaac ctccctcaac cccagagcc1680
accacccctc ctctgcccc agccacaaca gtgactcggg ccacgtcccg ggcggtaaca1740
50 gttgctgcaa gacctatgac caccactgcc ttcccccacca cgagaggcc ctggaccccc1800
tcaccctccc acaggccccc tacaaccaact gaggtgatca ctgccaggag accctcagtt1860
tcagagaatc ttaccctcc atcccggaag gatcagcaca gggagaggcc acagacaacc1920
aggaggccca gcaaggccac cagcttgag agcttcacaa atgcccctcc caccaccatc1980
tcagaaccca gcacaagggc tgctggccca ggcgtttcc gggacaaccg catggacagg2040
55 cgggaacatg gccaccgaga cccaaatgtg gtgccaggtc ctccaagcc agcaaaaggag2100
aaacctcca aaaagaaggc ccaggacaaa attcttagta atgagtatga ggagaagtat2160
gacctcagcc ggcctactgc ctctcagctg gaggacgagc tgcaggtggg gaatgttccc2220
cttaaaaaag caaaggagtc taaaaagcat gaaaagcttg agaaaccaga gaaggagaag2280
aaaaaaaaa tgaagaatga gaacgcagac aagttactta agagtgaaga gcaaatgaag2340


```

aagtctgaga aaaagagcaa gcaagagaaa gagaagagca agaagaaaaa aggaggtaaa2400
acagaacagg atggctatca gaaacccacc aacaaacact tcacgcagag tcccaagaag2460
tcagtggccg acctgctggg gtcccttgaa ggcaaacgaa gactccttct gatcactgct2520
cccaaggctg agaacaatat gtatgtgcaa caacgtgatg aatatctgga aagtttctgc2580
5 aagatggcta ccaggaaaat ctctgtgatc accatcttcg gccctgtcaa caacagcacc2640
atgaaaatcg accactttca gctagataat gagaagccca tgcgagtggg ggatgatgaa2700
gacttggtag accagcgtct catcagcgag ctgaggaaaag agtacggaat gacctacaat2760
gacttcttca tgggtgctaac agatgtggat ctgagagtca agcaatacta tgaggtagca2820
ataacaatga agtctgtgtt tgatctgatc gatactttcc agtcccgaat caaagatatg2880
10 gagaaccaga agaggggggt tttttttgaa gggggaaaaa cgcccc 2927

```

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 30:

15 (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- (A) LÄNGE: 743 Basenpaare
 (B) TYP: Nukleinsäure
 (C) STRANG: einzel
 (D) TOPOLOGIE: linear

20

- (ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
 hergestellte partielle cDNA

- (iii) HYPOTHETISCH: NEIN

25

- (iii) ANTI-SENSE: NEIN

- (vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH
 (C) ORGAN:

30

- (vii) SONSTIGE HERKUNFT:

- (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

35 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 30

```

tccgtggggc tttaaaaaat ggttggtgggt gtgtggggtt ttttgagggt ggagaggatg 60
tgtgaaaatc ttttccaggg aaatgggttc gctgcagagg taaggatgtg ttcctgtatc120
gatctgcaga caccagaag gtgggtgca c actgcatgct tgggggtgcc aagggattcg180
40 agacctccaa catacttgct tgaagctcgt gccgctggcc atggccctc tgccaagcct240
gtgtgcatg cccttggtgc tttagtgc aa gaagcctagg ctcaagaagca cagcagcgcc300
atctttccgt ttcaggggtt gtgatgaagg ccaaggaaaa acatttatct ttactatttt360
acctacgtat aaagttttag ttcattgggt gtgcgaaaca ccctttttat cactttttaa420
tttgcacttt atttttttcc ttccatgctt gttctctgga catttgggga tgtgagtgtt480
45 agagctggtg agagaggagt caggcgccct tcccaccgat ggtcctggcc tccacctgcc540
ctctcttccc tgcctgatca ccgctttcca atttgccctt cagagaactt aagtcaaggaa600
gagttgaaat tcacaggcca gggcacatct tttatttatt tcattatgtt ggccaacaga660
acttgattgt aaataataat aaagaaatct gttatatact tttcaaaatc caaaaaaaag720
tagggagggt aagaaaaagg gcg 743

```

50

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 31:

55 (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- (A) LÄNGE: 1667 Basenpaare
 (B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

5 (ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

10 (iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH
(C) ORGAN:

15 (vii) SONSTIGE HERKUNFT:
(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 31

```
20 agagccaata gcatgggggt tacaaggcaa agatagtcac tcattcaaca catattcata 60
   gagtccttc tctgtgccag acactgttct ggaagatagc tagatgaaaa tctttgcact 120
   cacagagctt acatgccagt gagtgaagat cgatgataaa taaagcaaat gcatcatatg 180
   ttcacatttg ataagtatat gccaaaaaat gaagccggga aggaggacaa ggcccatggg 240
   tgggtgttga ggtttttaaa gtgtggtcag gaaaggcccc actgataagg taacatttga 300
25 gcaagtctga aaaaggcaag gggatctttg gggctaactt cgggatccct gcactttatg 360
   taagaatgta aacctggagt ctcatttaag aatgatcagc aatacgttta gaacatatga 420
   actgaatgaa atggacattt tttcttaatt tacgtataaa tccatatgat tatacataaa 480
   gttctgatgc attaatataaa gcagccaaat agggccaaag agaaaaataa caggactctg 540
   tactggacct aactttatca ttaatttagt aatattttcc tcatctcttt actgctgcca 600
30 ttttcctcac cagtattcca gagatggcca tagctcatta ctctaccacc aagaacctaa 660
   aaggaattag aatacagcag aattggcctc agtgaagagc ttaaaattgt tctcctcgta 720
   gaactggact attgatcatt accacgtgac gttggctcta ttactttctg ttcccaatgt 780
   ccttctagtg gtttgaaaat gttaaaacat ccctaaaatc taaatcatat aatcagaatt 840
   ctatagtgtc ccaactctatc tgtaaagatc atttggaaga ctttagactc tattaatttt 900
35 aaaaggaata tttatttagc atatgcagaa tttctaataa tgatattgta cagcttctaa 960
   ttcacttttc agatcagtgt ttgaaatggc aattatcagt gttggattta gttccaacta1020
   cttgatttac aaaaaatgtac atttagagaa ggttaaaaga aacagtgaga aatgtaaac1080
   ttcaaaatga taattgaatc tctcagttgt gggataaatt atcagagaca tgcaactga1140
   aatgtctcac ctttcattct tttttcttaa ttcataaaag tatctttaga aatttgatga1200
40 gaccctecta gtcattctca actggggcgg tgctgtcacc gaatggtgtt tgagagtgtt1260
   ggggctaggg cacatttttg gttgtcacag caactggggt ggcatttgct gccagtgcc1320
   aggaatagta acattatgaa tgccagggac agtgtgtcga gtaaaagtctt ccatccaaaa1380
   ggggcagggc acgggtgctc acgcctgtaa tcccagcact ttgggaggcc aagggtggcg1440
   gatcacctga tgtcaggggt tcgagaccag cctggccaac atggtgaaac cctgttgcta1500
45 ctaaaaatac aaaaattggc tgggtgtggt gtcacatgcc agtaacccca gctactaggg1560
   aggctgaggc aggagaatca cttgaacctg ggaggcagag gttgcagtga gctgagattg1620
   caccactaca ctccagcctg gatgacagag tgagacttca tctcaaa 1667
```

50 (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 32:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:
(A) LÄNGE: 249 Basenpaare
(B) TYP: Nukleinsäure
55 (C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

WO 99/54460

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

5

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

10

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

15

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 32

20 cgtggtaggc acttcatcag tgtttactga ttgaaaacat tgttgactgt ggcttctatc 60
agagtgtcta ccttttacag ctctgacctt acctcattta atttgctgct tttaatctac120
gggggctgag aatttgtgaa accagtgttg ttagaagtgt atataatctg aatcaataag180
ctctgaatgg gggacaagaa acgctcttat agcacaaaga tgcattggact tcatgacagc240
tcttttgggt 249

25 (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 33:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 1246 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

30

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
hergestellte partielle cDNA

35

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

40

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

45

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 33

50 aatggaaggt taattaccgg ggcccacctt gagacggaaa aaaattggga aaacgaaact 60
aaaaatgggt ggggtgaatt tctacccaaa gtccagccgt ggtggctgca ctggcacaga 120
atactaaact gagtgtgact attttcaatg caacaaatga aaaaacaaaa tgtgcctgtt 180
taaagcactc agtagagggc tgatgaaact aatttttttt cctttaagac atgcactctt 240
gagtcctaca gtaactgagt gtttgtttag acagcacaag aaggggtgag agtgcgtctc 300
ctagccttaa tgtgggaggg tagtttcagt cactcatcgg ctttcattat tgtgcagaaa 360

```

tatttagaaaa cctcattgat caattttatg tatttgaata tcagcaaatt gaaattttcc 420
ataattatca ttaatttgta accacatcca gtgtcatgct tactccttag agttcagatg 480
aattctttaa attaaaaaaa aactccatag tactaatttt gtttctttat atagtttgcg 540
tttgatatta gtgcttgcaa ttgtattaaa gtcaaaagct gattttttatg gcatacacia 600
5 gaatgccact ttttctttta ttccatacca ataattttaa gattgatatg ctaaaaacaa 660
tttgacacagc actaaagcat gagctacttt catctaaacc tgtaaaaaata tgaaagattt 720
ttatatTTTT tcaactgggaa gaaattcttc ctggatgaaa ttacaaatat gtgtagaata 780
tatttaataa aagactttata aaatacctaa ctacaggact taaaatatag attggcgcgt 840
agtatataga acaatattcc atataaataa gttagcctt tataaaaaatg aagttgcagg 900
10 ctgacattac attctgtact tactaagtgt caacagccct tacaacatt aaatgtaaat 960
ggtttcaaat ggctcagcgt gttaaagt aatcatgtta ttttattcat tgtaaatgct 1020
ttgatgaaaa ggctttatat gcagtagatc tacgaaaata ttgttcatac tgatcagaat 1080
taaatttgta tagagcagag ttttaaaatg aatgtaaata gcactaaacg ttttctttct 1140
gcaacctgta cttacagatt cttcctgtaa actaaataaa aaaaaaatga tagtgcaaaa 1200
15 aaaaaaaaaa aaaaaaagag acggagagag gagaaagagg gcgtgg 1246

```

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 34:

- 20 (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:
 (A) LÄNGE: 215 Basenpaare
 (B) TYP: Nukleinsäure
 (C) STRANG: einzel
 (D) TOPOLOGIE: linear
- 25 (ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
 hergestellte partielle cDNA
- (iii) HYPOTHETISCH: NEIN
- 30 (iii) ANTI-SENSE: NEIN
- (vi) HERKUNFT:
 (A) ORGANISMUS: MENSCH
 35 (C) ORGAN:
- (vii) SONSTIGE HERKUNFT:
 (A) BIBLIOTHEK: cDNA library
- 40 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 34

```

gggaagcatt ttggatatga tgcaggaaat ctcttcctgg agtcaaaagt tcccaagagg 60
tgctgtatTT ttaagaaatg gagtttatTT aaataaatag taagcttggtg cccatgttgg 120
ccgggcaact tttttcaatg gtgcttatta gaagaagtgt ttccatctgg tcaatttaag 180
45 gaaataaaac taggaaatgg agaggggggg agaga 215

```

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 35:

- 50 (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:
 (A) LÄNGE: 734 Basenpaare
 (B) TYP: Nukleinsäure
 (C) STRANG: einzel
 (D) TOPOLOGIE: linear
- 55

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

5

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

10

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

15

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 35

gctgccgggg gcctggggt cggcgctgggt ccccggggga tgtggagagc tggcagcatg 60
tcggccgagc tgggagtcgg gtgcgcattg cgggcggtga acgagcgcgt gcagcaggct 120
gtggcgcggc ggccgcggga tctcccagcc atccagcccc ggctagtggc ggtcagcaaa 180
acaaaacctg cagacatggt gatcgaggcc tatggacatg ggcagcgcac ttttggcgag 240
aactacgttc aggaactgct agaaaaagca tcaaatccca aaattctgtc tttgtgtcct 300
gagatcaaat ggcacttcat tggccacctc cagaaacaaa atgtcaacaa attgatggct 360
gtccccaatc tcttcatgct ggaacacagt gattctgtga agttggcaga caaagtgaac 420
agttcctggc agagaaaagg ttctcctgaa aggttaaagg ttatggtcca gattaacacc 480
25 agcggaagaag agagtaaaca tggccttcca ccttcagaga ccatagccat cgtggagcac 540
ataaacgcca agtgtcctaa cctggagttt gtggggctga tgaccatagg aagctttggg 600
catgatctta gtcaaggacc aaatccagac ttccagctgt tattgtcgt cccggaagag 660
actgtggtaa aaagctgaac atccctgctg aacaggttga gctgatcatg ggcattgtccg 720
totgtaaact gcaa 734

30

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 36:

35 (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 314 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

40

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

45

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

50

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

55

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 36

gctgctgggg agccactgaa ccaaccggag acccgctggt cccacgtgaa gcagctgtcc 60
 tgggtgtggag gtacagagct agaccagcac tgggtccctcc agccccctgg tagcctctgc 120
 tgcaactgaa ctggcagctt ttgccgctgc ctttagctct gcagtgtatgc gccctgaagg 180
 5 tctgcctct ctgttttga atcgcttcc cctcctcatg tttggggacc tgcaagggtg 240
 tgaggcacgt gagggcatcg ccatgcgtat ttacaggcc tctttctctg gactgtcttc 300
 aaagggatga cttt 314

10 (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 37:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 1839 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

15 (C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
hergestellte partielle cDNA

20 (iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

25 (vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

30 (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 37

gcgggagagg gcggagcaac agagcgcccg ggagtaaggc ggagtgaagaggaggagcttg 60
 35 atggaagcgt gcgagaaggg gcgtaactga tttggaaacc agaggaaagg cgctgttttc 120
 accgaattag aatcgcgga aatatagaga gagtttggtt gaaggctcgc cgagatcgag 180
 tgagtacggc tcgccaagtt ggagcgctct cgcgatagac acagcaacta ttcagctgcg 240
 aggggacggg agaggtggtg agcactctcg cgagatttga aggagcggcg gaggccagag 300
 ggaggagagg accggaagtc cttcatctca agcatccaat gctgaaacgg gcctgatttt 360
 40 ctctaccgga agcccttttc cagaggctgg gaacacggcc cacctagcag gaagtccac 420
 ctcttgagc tcgccaacc ttccgaagt tttctgtca cctgtgttag gctccgtccc 480
 cttccgcgt tttatccccg taccagaaaa ggatacattt agtgccctcc acccagctcc 540
 actaaacggc ctcccgctt cctgtggttg tggccgctgt gctgtgggga gcggccccga 600
 cccgggggct cattcgagcg acctcgagcc acaatgccag catggacttt gcagacctc 660
 45 cagctctgtt tggggctacc ttgagccagg agggcctcca ggggttcctt gtggaggctc 720
 acccagacaa tgctgcagc cccattgccc caccacccc agccccggtc aatgggtcag 780
 tctttattgc gctgcttoga agattcgact gcaactttga cctcaaggtc ctaaatgccc 840
 agaaggctgg atatggtgcc gctgtagtac acaatgtgaa ttccaatgaa cttctgaaca 900
 tgggtgtgaa tagtgaggaa atccagcagc agatctggat cccgtctgta tttattgggg 960
 50 agagaagctc cgagtacctg cgtgccctct ttgtctacga gaagggggct cgggtgcttc 1020
 tggttccaga caataccttc ccttgggctt attacctcat ccctttcaca gggattgtgg 1080
 gactgctggt tttggccatg ggagcagtaa tgatagctcg ttgtatccag caccggaac 1140
 ggctccagcg gaatcgactt accaaagagc aactgaaaca gattcctaca catgactatc 1200
 agaagggaga ccagtatgat gtctgtgcca tttgcctgga tgaatatgag gatggggaca 1260
 55 agctgctggg actccctgt gctcatgctt accacagccg ctgctgtggc cctggctcal 1320
 ctcagaccgc gaagacctgc cccatttgca agcagcctgt tcacgggggt cctggggacg 1380
 aagaccaaga ggaagaaact caagggaag aggaggggtga tgaaggggag ccaagggacc 1440

accctgcctc agaaaggacc ccacttttgg gttctagccc cactcttccc acctcctttg1500
gttccttagc cccagctccc cttgttttct ctgggccttc aacagatccc ccactgtccc1560
ctccctcttc cctgtttatc ctgggtctaata aacccccac acatacacct ctgggtgacct1620
atttgacacag accgtcgtct tccctccagt cttctgaggg ataggggaca ttccatccca1680
5 agcttctccc ttaccacac ctatcctttt gaggggcttt ggggtggggc tggggcaagc1740
agagggactg ggtcttcaact tcttgggcta ataaaattgt ttctttgtgg actaaaaaaa1800
aaaaaaaaa aaaaaaaaaa aaaaaaaaaa aaaaaaaaaa 1839

10 (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 38:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 1931 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

15 (C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
hergestellte partielle cDNA

20

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

25 (vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

30 (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 38

cagccgcgcg ccattccctct ttgtgtgctt tggaaagccg cggagctggt ggtggctaca 60
35 gttggtgttg ggggcttagg cgagggacgt taccgggaag ttgcaggcgg gaggactctt 120
ccccatccag tcacctgaca ggtcacaaac atgtcagaca aaagtgaatt aaaggctgag 180
ttggaacgta agaagcagcg actggcccaa atcagagagg aaaagaagag aaaagaagaa 240
gaaaggaaaa aaaaagaaac agaccagaag aaggaaagctg ttgctcctgt gcaagaagaa 300
tcagatcttg aaaaaaaaaa gagagaagct gaagcattgc ttcaaagcat ggggctaact 360
40 ccagaatccc ccattgtccc tctcctatg tctccatcct ccaaactctgt gagcactcca 420
agtgaagctg gaagccaaga ctctggagat ggcccgctgg gatctagacg aggacctatt 480
aaacttggaa tggctaaaat caccgaagtc gaatttcctc ctcgagaaat tgtcacgtat 540
acaaaggaaa ctcagactcc agttatggct caaccctaaag aagatgaaga ggaagatgat 600
gatgtagtgg ctctaaacc acctattgaa cctgaagaag agaaaacttt aaagaaagat 660
45 gaggaaaatg atagtaaagc tccccctcat gagctgactg aagaagaaaa gcaacaaatc 720
ttgcaactctg aggaattttt aagtttcttt gaccattcta caagaattgt agaaagagct 780
ctttctgagc agattaacat cttctttgac tatagtggga gagatttgga agacaaagaa 840
ggagagattc aagcaggtgc taaactgtca tttaatcgac aattttttga cgaacgttgg 900
tcaaagcatc ggtggttag ttgtttggat tggcatctc agtatccgga gttactcgtg 960
50 gcttctata acaacaatga agatgccct catgagcctg atggtgtggc cttgtatgg1020
aatatgaaat acaaaaaaac taccacagag tatgtgtttc actgccagtc agctgtgatg1080
tctgccacat ttgcaaaatt tcatccaaat cttgttgggt gtggtacata ttcaggcca1140
attgtgcttt gggataaccg tagcaataaa agaactccag tgcaagaac tccactgtca1200
gcagctgcac acacacacc tgtatattgt gtaaatgttg ttggaacaca aaatgtcac1260
55 aatctgatta gcactctctac tgatggaaaa atttgttcat ggagtctgga catgctttcc1320
catccacagg atagcatgga gttggttcat aaacagtcaa aagcagtagc tgtgacatct1380
atgtccttcc ctgttggaga tgtcaacaac tttgttgggt ggagtgaaga aggttctgtg1440
tacacagcat gccgccatgg cagcaaagct ggaatcagtg agatgtttga ggggcacaa1500

WO 99/54460

ggaccaatca ctggcatcca ttgtcatgca gctgttggag cagtagactt ctcacatctt1560
 tttgtcaactt catcgtttga ctggacagta aagcttttga caactaagaa taacaagcct1620
 ttgtattcat ttgaagataa tgcagactat gtttatgatg ttatgtggtc acctacccac1680
 ccagccctgt ttgcctgtgt ggatggcatg gggagattgg atttgtggaa tctcaataat1740
 5 gacacagagg taccaactgc cagcatttct gtggagggta atctgctct taatcgtgtg1800
 agatggaccc attctggaag gggaggttgt tgtggcggga ttctgaagga caagttttgt1860
 tattttgcga tggtgggagg agcagtttgt tggcccccc aatgatggat tggcgacggt1920
 tggcccgacc c 1931

10

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 39:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- 15 (A) LÄNGE: 294 Basenpaare
 (B) TYP: Nukleinsäure
 (C) STRANG: einzel
 (D) TOPOLOGIE: linear

- 20 (ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
 hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

- 25 (iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH
 (C) ORGAN:

30

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

- (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 39

35

agttaccatt gccttttctg tctcgtgccg gttttggttt gctgaaacta gtccaaaaca 60
 ggaaatttaa cagacagcca cagccaaaga gtgtcatgtg aattacaaga aatagagccc120
 atttagggaa agatagaact agaaaggctt ttcattataa ttccatgttg aacaattgag180
 tcatagcttc ttatcttggg ggaaggacac aattcaaagg ggcagtaagg attttgtaaa240
 40 acgtggcatc cataatttac tatggagcaa gtgcccacat ctctaggaca ttaa 294

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 40:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- 45 (A) LÄNGE: 882 Basenpaare
 (B) TYP: Nukleinsäure
 (C) STRANG: einzel
 (D) TOPOLOGIE: linear

50

- (ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
 hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

55

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

5 (C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

10 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 40

```

      tttttttttc tcattaacaa agcagtcfaat tcccttttatt tttaaaattt tatgtacaca 60
      tatgaatgat ctgtataatg tacattcaat atagaaagct ttatatattt gatagtgtat120
      agaacatttc acaattacac tcattcttta cataacatct tgacatccat ttttaaat180
15  ttttgcacaa gctccttttc attcaatttg gtaaagccag ttatacatac taatgtgtac240
      tgtgagcttt cagaagggtta atgattgagg atgccagtga aggggtgcagg gacaaaacct300
      aatagtcttg gatgggtggg ggaggatggc cagcgagact tgatgcagga gagggaaata360
      ttctttcctg gggaaaagtg acttagccca atttttgttg actgtagctc aaccctacag420
      tcatgctagt tcaaaaaaaaa aattacaaaa actaggaaga aagttttgtc tttttgattc480
20  acagttttgt aaacagatat aaaggacaaa atgtgcttac atacaccaag aaaaaaaaaa540
      ttcttgtgta cccacttatg ttgatccaca gagtgtcttc ttataatgtg atacaattag600
      gatcactgac tttttttcct aaaaatatat ttatagaaaa aggaataaca ctgtcatgaa660
      accaggagaa aggcagtaag agtttgcttc aacgtatcag ctggagggaat gtggacttgg720
      cactggcctt tcagcgctta ttgtctctcg tgaatatttc aagtctgata gccaaagtcg780
25  cctgcctcat ggtctacagg aggtggcagg ttagacatga ctgatgtaga tgtactgcgg840
      taaggtagcc agcaactcca ggtcctgctt cagagagcta ca 882

```

30 (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 43:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 934 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

35 (C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
hergestellte partielle cDNA

40

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

45 (vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

50 (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 43

```

      ctgcgcggcgg acacagggag cagcgagcac gcggtttcccg caaccgata ccacggaca 60
      ggattttctcc gctcagccc aacggggagg gctagttgca catagtgtat tagatgaaag120

```

agctattgaa gctttaaaag aattcaatga agacgggtgca ttggcagttc ttcaacagtt180
 taaagacagt gatctctctc atgttcagaa caaaagtgcc tttttatgtg gagtcatgaa240
 gacttacagg cagagagaaa aacaagggac caaagtagca gattctagta aaggaccaga300
 tgaggcaaaa attaaggcac tcttggaag aacaggctac acacttgatg tgaccactgg360
 5 acagaggaag tatggaggac cacctccaga ttccgtttat tcaggtcagc agccttctgt420
 tggcactgag atatttgtgg gaaagatccc aagagatcta tttgaggatg aacttgttcc480
 attatttgag aaagctggac ctatatggga tcttcgtcta atgatggatc cactcactgg540
 tctcaataga ggttatgcgt ttgtcacttt ttgtacaaaa gaagcagctc aggaggctgt600
 taaactgtat aataatcatg aaattcgttc tggaaaacat attggtgtct gcactctcagt660
 10 tgccaacaat aggccttttg tgggctctat tcctaagagt aaaaccaagg aacagattct720
 tgaagaattt agcaaagtaa cagagggtct tacagacgtc attttatacc accaaccgga780
 tgacaagaaa aaaaacagag gcttttgcct tcttgaatat gaagatcaca aaacagctgc840
 ccaggcaagg cgtaggttaa ttgagtggta aagtcaaggt ctgggggggaa tgttggaact900
 gtttgaattg ggggtgttcc gcttaggaag gtcc 934

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 44:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- 20 (A) LÄNGE: 231 Basenpaare
 (B) TYP: Nukleinsäure
 (C) STRANG: einzel
 (D) TOPOLOGIE: linear

- 25 (ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
 hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

- 30 (iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH
 (C) ORGAN:

- 35 (vii) SONSTIGE HERKUNFT:

- (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 44

40 ctcgtagccg tcaattatga gttcctttat ttattggtga gaaagattag caagtatgac 60
 gtagtcaagg aatagaagtt atgtaccgag tggtaaagg ttggggggat atggagatgg120
 atgagaggga gctgtctggg aaggctttgc ttcacttgga ttagagtagg gttgcgtgag180
 gaaatagggt tgtagaatga gaatgagggt catgacagcc tcctacaaaa c 231

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 46:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- 50 (A) LÄNGE: 240 Basenpaare
 (B) TYP: Nukleinsäure
 (C) STRANG: einzel
 (D) TOPOLOGIE: linear

- 55 (ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung

hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

5 (iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

10

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 46

15

```
cgatcacggtt ttcacatgat gctcacgctc agggcgcttc aattatccct cccacaaaag 60
atagggtggcg cgtgtttcag ggtctctcgt ctctctccta cagaaaagaa aaagaaaaaa120
atgtcattag aagaggcgta acacgtcagt ccgtccccag gtttgtgttt cctggagtgg180
ccgaaagaga tcagttctaa cctgctctgc aggaataacg gtccctgctc ccgacactct240
```

20

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 47:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

25

(A) LÄNGE: 228 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

30

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

35 (iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

40

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 47

45

```
agagcagatc agaggcaggg ggaaaagcac gcagagggag gagctgaaga gctgagaccc 60
ggagccaggg acagcttaat gaagacaaac tgaaggggaa actgagatgc ttagaaagcc120
cagctatata acttaccoca gaaatacttc ccttagggaa tgtaaaaagt actactggag180
atggaagagc agaaaaacag ctatgggcag aaggccaagg ggtgatag 228
```

50

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 48:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- (A) LÄNGE: 1229 Basenpaare
 (B) TYP: Nukleinsäure
 (C) STRANG: einzel
 (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH
 (C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

- (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 48

```

aaaaaaaaa aaaaaagagt taatctagga gataatgaat ggcctagtag tagataatat 60
atggcccccac aagctcttga cttctgtcct tggggaaaagc cattttgtta accacactag 120
tgagatttac atgatgctta atggagaaca gagaagatct tgttgcaaaa ggtgtattaa 180
atatttgtgc tgtttctgta tgagattgag aagcttttcc cacctctcac ccctatttcc 240
tataaggata tccagagaag ccaaaactgtt ctgtgggttt gggaaatggc atttcccggg 300
aaaatgcac tggatcgatg actaaacctg gcccttttct ctgggctgta gtgaagccgc 360
attttcacgc tggctggcag tgtgctgaga gctcgaatg ctctgcggcg tagtgccctt 420
ctgccctgcc tgacgatgta tcgaaaagat gagagtgaag gagactttgt gcagcaggaa 480
acgggtaggt gaggtgttgg gcagttgtgg gaacttctga gattattaca gagtggtaga 540
atcggtaaga actctgattt ggacttcgct ttggtggaac tgtgtgccta tacctgcctg 600
tgtgtgtgca agtgtgcagg ttcccttgta tgtatgtgta cgtgtgggaa cctgtgtttg 660
tcataatttt cttcatttca caaaggcttt ttttgaagca gtggcagtat gcctttgttt 720
caagaacaca tgaaattctt ttaacaccag attagtgtgt taccctaaat gaacggttct 780
agccctctat taagaaataa agggaccata agcatttttg ctgcttatgg ctgtgtgtta 840
ctacttacaa gactcttgaa aattatacag aactttgcct tcttttttta atgtcttcca 900
caatgttgtg actgattata accctgtttc ccctcagaga agagctatgg ctacaggatc 960
tgtgttgact ctggcattta gtggctttgt gaaggaaaga aaccattaaa tgacctgaca 1020
aaaactgact catgtcttta aagtagttga agccactttt aggaatgtta ctctcggttg 1080
cttttgtcta attctaattg gcttaaagcc aagaaaacca tagtataaat cttttttgtg 1140
taccctatgg ctagtgtttt aaatgggcag ttccgttgtg gataaagtat ccagtcactt 1200
caggtttccg tggaaagttt ttattgggg 1229

```

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 50:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- (A) LÄNGE: 231 Basenpaare
 (B) TYP: Nukleinsäure
 (C) STRANG: einzel
 (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

5

(vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH
(C) ORGAN:

10 (vii) SONSTIGE HERKUNFT:
(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 50

15 gaggcgagga gtggaacccc ctcttttgag aagggttgcc gactcagaga cacagaaacg 60
ggtccaggga tggggagaga tgtggagtga gggaagggtt gcatttgaga aaggaagttc 120
gagaacacac tgggacattg taacacattt gaaccatctt ctgatagaaa ggtgttgccc 180
tcctaataat gggagggtcag ggccagggtcc tcgggcatag ggagagggtc c 231

20

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 51:

25 (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:
(A) LÄNGE: 1340 Basenpaare
(B) TYP: Nukleinsäure
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

30 (ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

35 (iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH
(C) ORGAN:

40

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:
(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 51

45

tttggcatca tttaacaatt catagaatta ctgtgaaggc ctttctagtt gagatgttgg 60
ggtatttggg attctaattg ttaaccccag aagaaggtaa tttagcttgt atttatttaa 120
aaccattta gctttttact tatactctgt agaattccag tgatcatcct aataaggtat 180
atttcagaat aatttttttt tcttcagaa taacttagaa tcagatgcta taagggtcc 240
taggagcagt gtgaaatttc cgtaaagata aatttgaatg ttgtaaccaa gtttatatta 300
aaccaagagg ccatttccaa tatgattttt tgtttctttt taacttggtta agtccctaag 360
agattacatg ctagggttgg agtcatttct attgtagata atgatggccc acacagtcac 420
cttcaactat ccacataagc taggctttcc gcttttgcca cggacagtgt gaccaagata 480
tttcagagt aaataaccca ccacaacctt ggtaattcct cttttcttct taagctccag 540

WO 99/54460

PCT/DE99/01163

```

gaagcgaaag  cagaaggact  cttttcagac  tgccctctgt  agcctacatt  gcagctttcc  600
aaaacaggca  gctagcactg  ggaaagccca  tgtggtgacc  ccatattttt  ctgaggttct  660
tcttttccat  ggtgttactt  tattatcaga  aagtaaattc  agaaaacagg  tcttgccctt  720
agcagacaag  aaccacacca  gtttcttgta  aaggtaacgg  atacattggg  attcaggagt  780
5  gacacagagg  tccagcccca  gaacttgtaa  ggattttgtt  tgaacactga  gcagatgcct  840
cctccctgcc  acccatcaca  ctagttaggg  ctggccatga  attctatgcc  agagtcactc  900
ctgcagtctg  ctagggatgg  gccttcttat  cccactctcg  cacacatccc  agtctagtct  960
ttgccttcac  agagtctctc  ttgacacccc  tgacttaatg  atagttgctg  ttttgagata  1020
gaattgatca  ggtttaagtc  atcctgctca  ggttgggcat  agtggctcat  gcctgtaatc  1080
10  tcagcacttt  gggaagccaa  agtgggagga  ttgcttgagc  ccaggagttc  caaaccatcc  1140
tgggcaacag  agggagaccc  tgtctctacc  aagaaaaaaa  aaaaaaaaaa  aaagttaaaa  1200
aaacaattag  ctggacctgg  tggtgcacac  tcagtaggct  gaggtgaaag  gattccttta  1260
acatgggaga  ctgaagatgc  agtgagccat  gaatcagcaa  ctgcacacca  gtatgagaga  1320
aaaagtggaa  ccctatcaca                                1340

```

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 52:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- 20 (A) LÄNGE: 226 Basenpaare
 (B) TYP: Nukleinsäure
 (C) STRANG: einzel
 (D) TOPOLOGIE: linear

- 25 (ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
 hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

- 30 (iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH
 (C) ORGAN:

35

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

- (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO:52

40

```

gccagatttc  cgggggtttt  cgggccccgc  gatgttttcc  agaggttttc  aagtgggaag  60
aggagagcga  caaggtgaaa  atgccccgtg  ccggggcgct  cagcggagtc  ctgccagctg  120
tccggcggtg  ggggtggacg  ctgatttatg  aaggtgccca  tccacctatc  tgagtacctg  180
acttgtgagg  actgacaact  acagcatcag  gtacaaagtt  gttctt                                226

```

45

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 53:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- 50 (A) LÄNGE: 611 Basenpaare
 (B) TYP: Nukleinsäure
 (C) STRANG: einzel
 (D) TOPOLOGIE: linear

- 55 (ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung

hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

5 (iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

10

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 53

15

```
gcagctgcag cggcagcagc ggcagcagag gcagcagcag tagccaccac tccgccgagg 60
ccgcaacccc ggctcggcct ccccaggccc cgcgcgtgcc gcagtcattg ctgctgatgg120
ggtggacgaa cgctcgctc tgctgtcagc atcccactcc ggaaatgtca ctcccaccgc180
cccaccgtac ttgcaagaaa gcagcccagc agcggagtc caccctcata tacagccatt240
20 gccagtcacg acgccagtgg tattccagta ataaactgcc gtgtgtgcca atcactaatc300
aatttgatg gcaagcttca ccagcatgtg gtttaagtga cagtttgcaa tgaagctacg360
ccaatcaaaa acccccacac aggcaagaaa tatgttagat gcccttgtaa ttgtcttctc420
atgtgtaagg acacatctcg gcgaatagga tgcccagac ccaactgtag acggataatt480
aaccttgagg cagtaatgct ttttctgaa ggaacaacca gctcagcctg cattgccc540
25 tcccaaccag aagggtacaa gggtcgtgtg ttggggcacg gttggggaac acattccctt600
tggtatggga c 611
```

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 54:

30

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 689 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRANG: einzel

35

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
hergestellte partielle cDNA

40

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

45

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

50

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 54

```
cccgaaccgga cgcagggggc tggcgggaac gtgaagctcc gcggtgcctg atggggccgt 60
tgggcgcccg gtagctgttg ctgttggggg accccctcat tcttgccgt gccgtccctg120
```

```

ctgcctcatg gcggccatcg gagttcacct gggetgcacc tcagcctgtg tggccgtcta180
taaggatggc cgggctggtg tggttgcaaa tgatgccggt gaccgagtta ctccagctgt240
tgttgcttac tcagaaaatg aagagattgt tggattggca gcaaaacaaa gtagaataag300
aaatatattca aatacagtaa tgaaagtaaa gcagatcctg ggcagaagct ccagtgatcc360
5 acaagctcag aaatacatcg cggaaagtaa atgtttagtc attgaaaaaa atgggaaatt420
acgatatgaa atagatactg gagaagaaac aaaatttgtt aaccacagaag atgttgccag480
actgatattt agtaaaatga aagaaacggc acattctgta ttgggctcag atgcaaatga540
tgtagttatt actgtcccggt ttgattttgg agaaaagcaa aaaaatgctc ttggagaagc600
agctagagct gctggattta atgttttgcg attaatcac gaaccgtctg cagctcttct660
10 tgcttatgga gttggacaag actccccta 689

```

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 55:

- 15 (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:
 (A) LÄNGE: 560 Basenpaare
 (B) TYP: Nukleinsäure
 (C) STRANG: einzel
 (D) TOPOLOGIE: linear
- 20 (ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
 hergestellte partielle cDNA
- (iii) HYPOTHETISCH: NEIN
- 25 (iii) ANTI-SENSE: NEIN
- (vi) HERKUNFT:
 (A) ORGANISMUS: MENSCH
 30 (C) ORGAN:
- (vii) SONSTIGE HERKUNFT:
 (A) BIBLIOTHEK: cDNA library
- 35 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 55

```

agaaaatgga cgctgacatc aatgtcacia aagcggatgt tgaaaaggcc cgacaacaag 60
ctcaaatacg tcaccaaata gcagaggaca gcaaaagcaga ttactcatcc attctccaga120
aattcaacca tgagcagcat gaattattacc atactcacat cccaacatc ttccagaaaa180
40 tacaagagag cggaggaaag gaggattgtg agaattggag agtccatgaa gacatatgca240
gaggttgatc ggcaggatgat cccaatcatt gggaaagtgc tggatggaat agtaaaagca300
gccgaatcaa ttgatcagaa aaatgattca cagctggtta tagaagctta taaatcaggc360
tttgagcctc ctggagacat tgaatttgag gattacactc agccaatgaa gcgcactgtg420
tcagataaca gcctttcaaa ttccagagga gaaggcaaac cagacctcaa atttggtggc480
45 aaatccaaag gaaagttatg gccgttcac aaaaaaata agcttatgtc ccttttaacg540
gggggcccat tcagcttcag 560

```

50 (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 56:

- (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:
 (A) LÄNGE: 851 Basenpaare
 (B) TYP: Nukleinsäure
 55 (C) STRANG: einzel
 (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
hergestellte partielle cDNA

5 (iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

10 (A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

15

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 56

```
20 gaagaagagt aagaaggaca agaaggccaa agctgggtctg gagagcgggg ccgagcctgg 60
   agatggggac agtgatacca ccagcaaaaag aggtagaatt ggtttctgag tagtgaaggc120
   cacttgaagc tggaggagaa actaaagcct tattgagaaa acatgttata gatccttttg180
   ttgctgagag agtggaaacat aggtcctaga cagggtgaag agttctggca cattttagct240
   gctactttga gacctcgggtg atgttacctg gtgtgggtcat cccatcttgt cctgttttaa300
   ggatatgggt ggtgaaagat gaaagaggca gagtttatcc caatgacttc tctgtttgag360
   ttgggaagcc tcaccttcag acccagtaac tgtccgcagc tgtctgctag tggttgtctt420
25 aacatcgtag tcctagtttg catTTTTTaa atccctctg tttaaaaggt ttgtaaaaca480
   aaaacaaaaa actaagctcg ctcaagttaa tgctgtagaa ccctaaataa gtggtagaag540
   agtgtcactg aattttgtct ctgaattcag tataactgag tttgtocat gctggtgtct600
   gggttatagg cctgatgggc ctggtagttt tccatcttgt tctggcctag aggtcagtc660
   tttgcacttc ctcaaagctt gtgtacagtg ctcacctaaa tccatctgac tacttgttcc720
30 tgtgccctct tgttttaggc ctcgtttact tttaaaaaat gaaattgttc attgctggga780
   gaagaatggt gtaattttta cttattaaag tcaacttggt aagtttttaa aaaaaaaaaa840
   aaaaaaaaaa a                                     851
```

35

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 57:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 1354 Basenpaare

40

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
hergestellte partielle cDNA

45

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

50

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

55

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO:57

```

5   cttaccaaca gcctttctgc taagttctgt tttttggata tttatgactt ggttcatctt 60
   attttttctt gatttagcag gagccctttt ctatttcagt ttcattttca gcatagtagc 120
   ctttctatac tttttctata agacttgggc aactgatcca ggcttcaacta aggcttctga 180
   agaagaaaag aaagtgaata tcatcaccct tgcagaaact ggctctctgg acctcagaac 240
   attttgtaca tcatgtctta taaggaagcc attaagggtca ctccactgcc atgtatgcaa 300
10  ctgctgtgtg gctcgatatg atcaacactg cctgtggact ggacggtgca taggttttgg 360
   caaccatcac tattacatat tcttctgtgt tttcctttcc atggtatgtg gctggattat 420
   atatggatct ttcacttatt tgtccagtca ttgtgccaca acattcaaag aagatggatt 480
   atggacttac ctcaatcaga ttgtggcctg ttccccttgg gttttatata tcttgatgct 540
   agcaactttc cattttctcat ggtcaacatt tttattatta aatcaactct ttcagattgc 600
15  ctttctgggc ctgacctccc atgagagaat cagcctgcag aagcagagca agcatatgaa 660
   acagacgttg tccctcagga agacaccata caatcttggg ttcatgcaga acctggcaga 720
   tttctttcag tgtggctgct ttggcttggg gaagccctgt gtggtagatt ggacatcaca 780
   gtacaccatg gtctttcacc cagccagga gaaggttctt cgctcagtat gaagaaaagc 840
   aaccocaaaac tctcaatctg atttgttttt gtttatgtcg atgccctgta gtttgaaagt 900
20  gaagtaaaaga tttagaattc acctaaagtc aaaggaaaac acgtggtttt taaagccatt 960
   aggtaaaaaa agttctcaat aaaggcatta caatttttta ggtttagaaa gatggacttt1020
   tctgataaat cttggcagac atctaaaaaa aaaaccatat ttttcacaag aaaatgcaag1080
   ttactttttt tggaaataat actcactgat tatggataaa atggaatatt ttcagatact1140
   atattggctg tttcaaaata gtactattct ttaaacttgt aatttttgct aagttatttg1200
25  tctttgttgt atctataaat atgtaaaaaa tatttaaata gatgtacctg ttttgctttc1260
   acacttaata aaaaattttt ttttgtaaaa ggaaaaaaa aagaagagga aaaagaagag1320
   aaaggagagg ggaagaaaga ggagaaggca agga 1354

```

30 (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 58:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 268 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

35 (C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
hergestellte partielle cDNA

40

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

45 (vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

50 (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 58

```

55  cgtgatctct cctcagtaaa accaaggtgc atttttctgg acccacctat cttgggggtg 60
   attaggagta gaggggtgta aataactaaa atttttttcc tttctgatat aattattgat120
   ctccctctag aagtcctgtc gtctttgctg gagaattttt atttaagcat cctttttagat180
   aagaatctct aatgtccttt tttcatccag atctacactt gatgaatcct aaagctattt240

```

ctacacagtt cctttattca gttttccc

268

5 (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 59:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- 10 (A) LÄNGE: 752 Basenpaare
(B) TYP: Nukleinsäure
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

15 (ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

20 (vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH
(C) ORGAN:

25 (vii) SONSTIGE HERKUNFT:

- (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 59

30 tgacaaaaga aatggaataa tttcaaaaaa gttaagtcct gagaagacaa ccctgaaatc 60
tatttttgaaa agaaaaggca ccagtgatat cagtgatgaa tctgatgaca ttgaaatttc120
ttccaagtca agagtaagaa agagagctag ttcattgagg tttaagagaa taaaagaaac180
caaaaaagaa cttcacaaatt ctcccaaaac aatgaacaaa acaaaccaag tgtatgcagc240
aaatgaggat cataactctc agttttattga tgattattca tcttcagatg agagttttatc300
cgtcagccac ttcagttttct ctaaacagag ccacagacca agaactataa gagacagaaac360
tagttttttct tcaaaattgc ctagccataa taagaaaaat agcactttta ttccaagaaa420
35 accaatgaaa tgttcaaagt aggaaagttg ttaatcaaga gcagtcgtat gaatcaatgg480
ataaattttt agatggcggt caggaagttg cttatattca ctcaaaccag aatgtaattg540
gatcgagcaa agctgaaaat cacatgagcc gatgggcagc acatgacgta tttgagttga600
agcagttttc acagctgaca gctaacatag ctgtttgcag ttctaagaca tataaagaaa660
40 aagtggatgc agatacattg ccacacacaa agaaaggcca gcaaccgagt gaaggcagca720
tttcacttcc tctttacatt tcaaattctg ta 752

45 (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 60:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- 50 (A) LÄNGE: 1389 Basenpaare
(B) TYP: Nukleinsäure
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
hergestellte partielle cDNA

55 (iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

5 (A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

10 (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 60

```
gaactccaag ttagtgatt gcagaatga aacttggtt ttgcggcact gggtagttt 60
tagtttgtgt gtgtcttgc ggggggtgt gatgattgt tcagcactca cgcactgcac 120
15 aagatggcag caggatacag cactgcacaa gatggcagc cctctgcagc ttctctctca 180
gcctccctcc ttgcaccccc acaggtttgg cttgtggtt ttgtcatcag taacctactg 240
cctgagatca tgatctctta aaagatgaga ctctcggaag ggttgattgt atgcgtcagt 300
gagccttcta tcaccttctg gaacaaagtc acttgaaatc tcttgatgag attaaggagt 360
ttagtgttac taagaaaatc tgctttgggc cgcagcagtg ctgggtgttc tcagacctga 420
20 ctgaggaagt tagctgcggg ctgccctgtg ggctgggtgt tcaggaggaa tccagagaag 480
tggttcagatg ccccccttgg gctcctttct aattttaatc agctctttaa atagctgcc 540
atctctgtg attgcacaac caagcacttt gacatttgca ccttaggaga ggcagatgtt 600
aaaatggaat ccaaagacca cctagggcgg ggctgggtgg gagatgggag ggccaactgc 660
gagctgctcc acttctcagc tctccctgc cctgcagccc tgggccagac aaggccagaa 720
25 gggttcaggg gcatttgaca tccccctctg gtcttcacca ggaaaacatc caaagctttg 780
gaggaaacag gccctgcccc tggtcctta aatgccccgt ctctttgtaa actgatattc 840
agccagcaat gcctaagact ttgttaagat catttctact gcttttcttt ctgcttcaaa 900
cacacagttc gtctctgagg aaagtaaaat aaatggaata agagtaaatt gggtaaggag 960
atatccaaag ctaccagtc ccttgacca gcacagttgg ccgaccctgt tcaactccctg 1020
30 gctgtcgtg cttctctgtg ctactgaag ggtgagccag gccagtgtt cccagcccc 1080
tgggcctggt cactacacag tggaaaacag acaagcggcc ccttcccaa atcccaagag 1140
tgtcttgctg cttggtgggt gtcctcgcga atgttctgaa ggctccaggg ccactttgtt 1200
tgtaagtatg atctgggcct caaaatacca tagtagctgc ttgataaaat tctaaaaata 1260
tctggttctc tattatgtaa acactattac agtcaccagt gtgtgaagac tcttgagtct 1320
35 ggttctcata tcagagtcac catttttctt cctgtggaat aaaatgcctt gtggacttcc 1380
caaaaaaaaa
```

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 61:

40

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 726 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRANG: einzel

45

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
hergestellte partielle cDNA

50

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

55 (A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

5 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 61

cgatatctgtc cggacggaag caggaagcgg gagcgtagg gccacgcctg cggcgctgct 60
gggtgaggct gtgtgggtgg gggacgggcc gaggcgatgg cggagaagtt tgaccacctal20
gaggagcacc tggagaagtt cgtggagaac attcggcagc tcggcatcat cgtcagtgac180
10 ttccagccca gcagccaggc cgggctcaac caaaagctga attttattgt tactggctta240
caggatattg acaagtgcag acagcagctt catgatatta ctgtaccgtt agaagtttt300
gaatatatag atcaaggctg aaatccccag ctctacacca aagagtgcct ggagagggct360
ctagctaaaa atgagcaagt taaaggcaag atcgacacca tgaagaaatt taaaagcctg420
ttgattcaag aactttctaa agtatttccg gaagacatgg ctaagtatcg aagcatccgg480
15 ggggaggatc acccgccctt ttaaccagct caccctccct gtgtgaagat cccctgggac540
tgcatgacgg cgtgaggctg ggactgacgag tgetgacgcc accttcctgc tgaggaggga600
ctgggcccctg gacacacccc tcagcccctc tgtcctcatt gtttggcctc atgggaccga660
ggggctggag gagaggcgga gtgtgcccga gggttcaaga ggttgtttgg ggtgaaatgg720
gtttgt 726

20

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 62:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

25 (A) LÄNGE: 681 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

30 (ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

35 (iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

40

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 62

45 ggctgagaaa aatgggggga gacataacac ccacgaatga aaatacagat ttaagagaag 60
gaaccagtaa agtaggagac agatgtgaag gaaatggaaa tgaggcaaga ggacattgga120
agagagaagt ttgtgtcca ggagccaggt ctggagcatc agtgtgaggg agttcaggtal80
ggctgggcct gtgcctctag gtagggacaa gggaggctgg gttagccaggg ctggtgctta240
50 aaacccctga ggccatgagc tcattggctg cctttgtagc atcctgtctt cttctgtgct300
gcctggtttg atctcatctc acctggattc aaagggttaag gtgggcatgg gtcttgggcc360
tgacaccac caaggatgac ctgtggactg ccacgggatg ctgaacaggg agatgaaagg420
aggctcctct accatacccc tctgccaaacc cccagtagg ccactgttct gactttgttt480
ccagaatatc cagaaatcca aaggggctgt tgctgaacag tctgcaggac cagtgcagc540
55 acctacctgt tgtcccaagg catacaaagg aggcctcaac gctcatgctt ctctaataca600
gccctaccaa gacagacaga aaaggaaggg gtagaggaga aggttgaagc tgtggagtta660

gactctgctt cattcctgaa g

681

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 63:

5

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 1116 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRANG: einzel

10

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

15

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

20

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

25

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 63

```

gggccacact gagcagattc tttggtagaa ttttcaactt gagactaaca caagtatttc 60
cttttctgtt cagttctcca aatgacaaga agtctttttg ctcaattgaa ggggaatgga 120
atgggtgtgat gtatgcaaaa tatgcaacag gggaaaatac agtctttgta gataccaaga 180
agttgcctat aatcaagaag aaagtggaga agttggaaga tcagaacgag tatgaatccc 240
gcagcctttg gaaggatgtc actttcaact taaaaatcag agacattgat gcagcaactg 300
aagcaaagca caggcttgaa gaaagacaaa gagcagaagc ccgagaaaag aaggagaagg 360
aaattcagtg ggagacaagg ttatttcattg aagatggaga atgctgggtt tatgatgaac 420
cattactgaa acgtcttggg gctgccaagc attaggttgg aagatgcaaa gtttatacct 480
gatgatcagg gcagtaggca taattcagca acaaaccaatc ttcctttggg agaaacctgt 540
tcattccaat cttctaatta cagtgggttc tatctcaggg atactggact ttctgacgca 600
gatgaacaat taaggggaaa agcttccctt ttccctctgt gccagttacg attttgactt 660
cagtcctgag aaaaacttca ggttttgaaa atcagatgat gtcttctcct ttcccaaaaca 720
ccacacgttg aaagcattta taaatccaag totgaaactc tgcgctctag tactgctgtt 780
aagatacaca acttgtttct tagttcatal aatctcgggg acacacatac gtatacacac 840
acatacatat atataaatat acctgatgcc agattttttt cataaatatt ctgcctactg 900
taaatatggg ttcctctgag ttgtttttaga aaattagcgc aatgtattaa aatcaagtgt 960
taggaaattt catggcttta cctacaataa cttttatttt ggaattgaac tattattaaa1020
45 ttgtatctaa tcctggaata cagtttaatt aattattcct agtgcttaag gcttcataaa1080
gtaatttttc caaccttttt tttaaaaaaa aaaaaa 1116

```

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 65:

50

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 806 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRANG: einzel

55

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 65

```
5
tccaagggct ctttagtcct tccaaagccc cacagtactt tcccgtagtc ctgaggcttg 60
ggacctcctg gggttccttac cttccctccc cattgctgag acagtctgag aagaggctta120
ggaatttgc tgtgggagtt tattcatctg tctctcctat ttacctctcc caaaccaggal80
20 tttccacttc tcaaacctgc tgtgatctca caactggagg gaggaagtga gctggggggc240
tcattctccac tggctgcagg aacaggcctc cagggtctcc agactgatat tcagactgac300
aatgatttga caaaggaaat gtatgaagga aaagagaatg tatcatttga acttcaaaga360
gacttttccc aggaacacaga cttttcagaa gcctctcttc tagagaaaca acaggaagtc420
cactcagcag gaaatataaa gaaggagaag agcaacacca ttgatggaac agtgaaagat480
25 gagacaagcc ccgtggagga gtgttttttt agtcaaagtt caaactcata tcagtgtcat540
accatcactg gagagcagcc ctctgggtgt acaggattgg ggaaatccat cagctttgat600
acaaaactcg tgaagcatga aataattaat tctgaggaaa gacctttcaa atgtgaagaa660
rtagtagagc cttttaggtg tgactctcaa cttattcaac catcaagaga acaacactga720
ggaaaagcct tatcagtgtt cggagtgtgg caaagctttc agcattaatg agaaattaat780
30 ttggcatcag agacttcaca gtggggg 806
```

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 67:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 226 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 67

```

gcggtatccgg cgttctgcac tgatcttttc caaggggtgta cagagatggc ggccgggtttt 60
cggaaggcgg gtaagtcccg gcagcgggaa cacagagagc gaagccagtg actaccgtaa120
aaaacaaggc acctcaaagg tggtcgggaag aaggggtgtg aaaaaaatcc agtgagttct180
5 actacaaaat gactcgggtt aaactccagg gtgggggtaca aattat 226

```

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 69:

- 10 (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:
 (A) LÄNGE: 2042 Basenpaare
 (B) TYP: Nukleinsäure
 (C) STRANG: einzel
 (D) TOPOLOGIE: linear
- 15 (ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
 hergestellte partielle cDNA
- (iii) HYPOTHETISCH: NEIN
- 20 (iii) ANTI-SENSE: NEIN
- (vi) HERKUNFT:
 (A) ORGANISMUS: MENSCH
 (C) ORGAN:
- 25 (vii) SONSTIGE HERKUNFT:
 (A) BIBLIOTHEK: cDNA library
- 30 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 69

```

gcagccgtcg ccttcggagc gaaggggtacc agcccggcag aagctcggag ctctcgggggt 60
atcgaggagg caggcccgcg ggcgcacggg cgagcgggcc gggagccgga gcggcggagg 120
agccggcagc agcggcgcg cgggctccag gcgaggcggg cgacgctcct gaaaacttgc 180
35 gcgcgcgtc gcgccactgc gcccgagcgc atgaagatgg tcgcgcctc gacgcgggtc 240
tactccaaca gctgctgctt gtgctgccat gtccgcaccg gcaccatcct gctcggcgctc 300
tggtatctga tcatcaatgc tgtggtactg ttgattttat tgagtgcctt ggctgatccg 360
gatcagtata acttttcaag ttctgaactg ggaggtgact ttgagttcat ggatgatgcc 420
aacatgtgca ttgccattgc gatttctctt ctcatgatcc tgatatgtgc tatggctact 480
40 tacggagcgt acaagcaacg cgcagctgga tcatccatt cttctgttac cagatctttg 540
actttgccct gaacatgttg gttgcaatca ctgtgcttat ttatccaaac tccattcagg 600
aatacatacg gcaactgcct cctaattttc cctacagaga tgatgtcatg tcagtgaatc 660
ctacctgttt ggtccttatt attcttctgt ttattagcat tatcttgact tttaagggtt 720
acttgattag ctgtgttttg aactgtacc gatacatcaa tggtaggaac tccctctgatg 780
45 tccctggtta tgttaccagc aatgacacta cgggtgctgt acccccgtaa gatgatgcca 840
ctgtgaatgg tgctgccaaag gagccaccgc caccctacgt gtctgcctaa gccttcaagt 900
gggcggagtg agggcagcag cttgactttg cagacatctg agcaatagtt ctgttatttc 960
acttttgcca tgagcctctc tgagcttgtt tgttgctgaa atgctacttt ttaaaattta1020
gatgttagat tgaaaactgt agttttcaac atatgctttg ctagaacact gtgatagatt1080
50 aactgtagaa ttcttctgtt acgattgggg atataacggg cttcactaac cttccctagg1140
cattgaaact tccccaaat ctgatggacc tagaagtctg cttttgtacc tgctgggccc1200
caaagtgtgg catttttctc tctgttccct ctcttttgaa aatgtaaaat aaaacaaaaa1260
atagacaact ttttcttcag ccattccagc atagagaaca aaaccttatg gaaacaggaa1320
tgtcaattgt gtaatcattg ttctaattag gtaaatagaa gtccttatgt atgtgttacal380
55 agaatttccc ccacaacatc ctttatgact gaagttcaat gacagtttgt gtttggtggt1440
aaaggatttt ctccatggcc tgaattaaga ccattagaaa gcaccaggcc gtgggagcag1500
tgaccatctg ctgactgttc ttgtggatct tgtgtccagg gacatggggg gacatgcctc1560

```


gtatgtgtta gaggggtggaa tggatgtgtt tggcgctgca tgggatctgg tgccccctctt1620
ctcctggatt cacatcccca cccagggccc gcttttacta agtgttctgc cctagattgg1680
ttcaaggagg tcatccaact gactttatca agtggaaattg ggatatatatt gatatacttc1740
tgccaaacaa catggaaaag ggttttcttt tccctgcaag ctacatccta ctgctttgaa1800
5 cttccaagta tgtctagta ccttttaaaa tgtaaacatt ttcagaaaaa tgaggattgc1860
cttccttgta tgcgcttttt accttgacta cctgaattgc aagggaatttt tatatattca1920
tatgtttacaa agtcagcaac tctcctgttg gttcattatt gaatgtgctg taaattaagt1980
cg ttttgcgaat taaaacaagg tttgcccaca tccaaaaaaa aaaaaaaaaa aaaatggtgg2040
cg 2042

10

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 72:

15 (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 2980 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

20

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

25

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

30 (C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

35 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 72

agcagagtta gccagaaatg cctcctgctg cccagcctt agagagctcc catctcaatc 60
attgagcctg aaggcttcaa gcccaagaat gcaacaagac cccagccta catttctcag 120
ctcccctgga gccagctgat cctgtaacgc tgcctggaggc cagtctgagc taccaagact 180
40 gtccctagac aaagggtggag tccccacac tgcccaagac caaatccctc actcaacctg 240
ctgagggtgtg gatggggaaa cagaggcaaa actgaggcac ctgatgcatt cagcctgctg 300
tgcagcagtg ccattgactg ccctgatgtt cagagagaaa cgcacacaag gtttccccat 360
gagaattggg gagcagatgg ccaagcagat aggttatgtc tgttttctga gtgatgaagt 420
caggaagccc tgtggctctg gaggccactt gtggttcatt cttttcccat atccttggct 480
45 tttagaaatg gttaccttca ggacagtga gctgcattta tcagagcact attgctaagt 540
tttcttttct ggcttgtgtt tttctgggac agtttagaat tgggaggcct attctcatag 600
aacacaaaa atgatgttca gtgattcatt taacatacac caatgtactc tggctgctgg 660
ggggacaacc ataagcaaga catgccagg gtttgccgtg gctccagatc tactccctgt 720
aggagttaa ggatcacaca aacggtagta accagggttg tgaatctgag tacacctggt 780
50 caaggcttct cttcagactg aagcagcaat tctgcacta ccagcagcaa ccaggacgtc 840
tggtctttgt gggggccaga tcagaagaga gaggccctg tgacgccgg gctgcttgg 900
cacaactctg tccaattcaa ggatgtttat cggcctctct tagatcctga gtgagacaaa 960
tacagaaatg acccattccc tgcccaccag aaactcagag gtgattgggg agactgacac1020
aggaaaaatga acttaataca gagagactgt gatatgtgct aagaagggtg tgaggagggg1080
55 agagatgaat tttccctgga gggatcctag aaagcattgt catattgcca tctccattag1140
ctcactttta aacaactagg gtgctggaag aacctttgtc tgagggtagt tcatagctgg1200
aaataacttg aatattttcc agagtctcta aactctcatc ttccccaca gatacacatc1260
caagctcaca aataggagta gcaattctag gtggtagggt tgtgtacgga acccctggct1320

gtctgcatat atctcagaat taccccagga ccattgtccc aaagtctaga gtctttacag1380
gtaggcaaaa tttgttttca atgcctgtgc ctcagctgct gtcacaaata cccatcttag1440
gatcccatca gcttcccatc ccccaccaga cagccacagt accctcactt tctccctatt1500
gttctttcaa atcctgttct caggaaaagaa actgccacta attcattcac actaagggtgt1560
5 aaatgattga taataggaat gagttacctc tccccacaga catttgtttt taagratgac1620
agagcagggc cttaatccca agggaaaaag ttatggaaact ggaggggggtg agctttctgg1680
gtagaaggag acttcctgaa tttccttaaa acccagtaag agtaagacct gttgttttgg1740
aaggctctgt ccaccatcta agagcactgt tttttttttt gttgttgggt ttgttacggt1800
ctctgaggga atatagttaa aatgcatatg cacgtgcaat ttgcacggca gcatttcacc1860
10 gattgtggac tgtattggct aatgtgtttc ctggtcttta gatgcaaac attataaca1920
ctatcttata tcatagtatt ttcaggggtg cttcttgatt agtagggaat tttgaacacc1980
tcttttaata cagctagaaa ataaaaccaa tttgtaaagc cacatttgca tatgatgcc2040
gcctcacgca tttgtatata tccagaaatt caggtatgcc tcaccaattt gccgctctt2100
aataaaatct tgtgttaaaa tttgcatcac gtgcgcttcc tatgtatgac gaaacaagaa2160
15 acagagattt ccaattgctc ttttgtcttc agacatttag taatataaag tacctatttt2220
tatgtgaaa tgtttataca ggtttattaa tagcaagtgc aactaactgg cggcatgcct2280
tgcaacacat tttgatata tagccatgct tccgggtaaa ggcaagcccc aaactcctta2340
tcttttgcat tctctctggg atcagtaaaa gaaaaaaaaa ataatgtgct taagaagtgg2400
gactgtaaat atgtatattt aactttgtat agcccatgta cctaccttgt atagaaaaat2460
20 aatttttaaaa atttgaatgg aagggggtaa aggaggtcat gaagtttttt tgcattttta2520
tttaaatgaa ggaattccaa ataactcacc tacagatttt tagcacaaaa atagccattg2580
taaagtgtta aaatttacga taagtattct attggggagg aaaggtaact ctgatctcag2640
ttacagtttt tttttccttt ttaatttcat tattttgggt ttttggtttt tgcagtccta2700
tttatctgca gtctatttaa gtctattgct tagaatagg tactacaaaa aaggttatat2760
25 tctgaaagaa aaataactga cattatata aaccaattaa tttaaagtat tgccatttaa2820
attacacact gagagcatgt cctatgcaga catagatttt tctgttcatt tatttttctt2880
cattgcagtg gattgatttg ataaatagat gtgttgaatt actacatttg ctgtacatat2940
tatttaataa actttattca gaattgcgtg gcaaaaaaaaa 2980

30

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 73:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- 35 (A) LÄNGE: 227 Basenpaare
(B) TYP: Nukleinsäure
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

40 (ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

45

(vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH
(C) ORGAN:

50

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

- (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 73

55 cagcattgct ccacggcaca gcataaggat agatcccaag tccacagggt ccatttttga 60
ggatcatattc tgatcctagg aaatgtcctt ttcccatagt tgtcctatgc ctttgggggtt120
tagtctatcc caggggtaac tgtggagaaa tcattgggtt gagagtcaag agagcattgg180
ttttggagct ttaatccctt tctggttgaa ataagggtgt caacttg 227

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 75:

- 5 (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:
(A) LÄNGE: 773 Basenpaare
(B) TYP: Nukleinsäure
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear
- 10 (ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
hergestellte partielle cDNA
- (iii) HYPOTHETISCH: NEIN
- 15 (iii) ANTI-SENSE: NEIN
- (vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH
20 (C) ORGAN:
- (vii) SONSTIGE HERKUNFT:
(A) BIBLIOTHEK: cDNA library
- 25 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 75

cggaagtgtgta aagggttcctg cctctcctcg gccaggcgga acctctctgc tgggcccgggt 60
ggccgcacaaa gaactttctt tctccgcgcc gaacggtcgc cgccggccaa tgcctcgccc120
gcctggcagc ctaaccctcc ttctctctt ctctctcgc gcttcgcgcg gccctgcctc180
30 cctctcgccc ggccggcatcc gcttgctgct gccaccgct cctcatcttc tgcccgcca240
accggcctgc ccgctgcag tgatgtgcga caaggagttc atgtgggccc tgaaaaacgg300
agacttgat gagtgaaag actatgtgc caaggagaa gatgtcaacc ggacactaga360
aggtggaagg aaacctctt attatgcagc agattgtggg cagcttgaaa tcctggaatt420
tctgctgctg aaaggagcag atattaatgc tccagataaa catcatatta ctctcttct480
35 gtctgctgtc tatgagggtc atgttctctg tgtgaaattg cttctgtcaa aggtgctga540
taagactgtg aaaggccag atggactgac cgcctttgaa gccactgaca accaggcaat600
caaagctctt ctccagtgt ggatggatgg actgataact ccggaagaat gactctctg660
tgccctcaca ctgctgcctg tctgtctgtc actctctatc tgccagcttc ttcagctaaa720
tactttaaga ggggtgaggg gagagagaaa ttcataacaa atccgactac cag 773

40

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 77:

- 45 (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:
(A) LÄNGE: 870 Basenpaare
(B) TYP: Nukleinsäure
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear
- 50 (ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
hergestellte partielle cDNA
- (iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

10 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO:77

```
gacccggcgt ggctactagg agaaggacgt acggctcctgc tagtagagga atatgtcgag 60
tttctctagg gcgccccagc aatgggccac ttttgctaga atatggatc tcttagatgg120
gaaaatgcag ccacctggca aacttgctgc tatggcatct ataagacttc agggattaca180
15 taaacctgtg taccatgcac tgagtgaactg tggggatcat gttgttataa tgaacacaag240
acacattgca ttttctggaa acaaatggga acaaaaagta tactcttcgc atactggcta300
cccagggtgga tttagacaag taacagctgc tcagcttcac ctgaggggac cagtggcaat360
tgtaaaacta gctatttatg gcatgctgcc aaaaaacett cacagaagaa caatgatgga420
aagggttgc atcttttccag atgagtatat tccagaagat attcttaaga atttagtaga480
20 ggagcttctt caaccacgaa aaatacctaa acgtctagat gactacacac aagaagaaat540
agacgccttc ccaagattgt ggactccacc tgaagattat cggctataag agaataagaa600
ttgcagaaaa taacagtga gtgattgaaa ctttcttctg atgagtttct ctaacctaca660
ggatggagta aaacaactgc tacagttcag cacctgtttt atgtgccgaa tcactgtggg720
gaaagggtcag gaagggtgtag tccttcaata ggaaattgta attaaaatat aattttatag780
25 aaccattttt atgtaatctg atttgaatgt tatagttgat aataataaaa tcacttactt840
ggttgactaa aaaaaaaaaa aaagtcgacg 870
```

30 (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 78:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 237 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

35 (C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
hergestellte partielle cDNA

40

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

45 (vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

50 (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 78

```
ttgtgatcgg ctatccttcc cggatcaaca gcgagcccag cccggtcac tacaaccggc 60
55 ccgggaacaa cgtgaaactg aactgcattg ctatggggat ttccaaagc gacatcacgt120
```

gggagttaac ggataagtcg catctgaagg caggggttca ggctcgtctg tatggaaaca180
gatttcttca accccaggga tcaatgaccc attcagcatg ccacaaagag ggggtggc 237

5 (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 79:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- 10 (A) LÄNGE: 439 Basenpaare
(B) TYP: Nukleinsäure
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

15 (ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
hergestellte partielle cDNA

15 (iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

20 (vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH
(C) ORGAN:

25 (vii) SONSTIGE HERKUNFT:

- (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 79

30 gtttggaag ttgagatttg gagcgaataa gtagggatct ggcaagagga tcatctacct 60
cagtcattag gatttcttaa taaaaaagag attgtatttt tgagttgggt attagattal20
ttaaatttag cccttccttt gaaatatgac atcagctttg ctgttctaaa tttaaaattal80
gttgcttcat cagtagcaca cttccagttt ctataccaag ccagtccttct cagttttccc240
cttaggatgg gacaagtctg ttcagggggg cattctgtaa gggttcagcag ggggtttggg300
agaggattta aggggaaata cagtgggggc agaattgggt cgggggtaaa ggtaggggac360
35 aagggaggga gggcgaaagg aggggtggaa ggatgggggc cttacctaga tcgggggatg420
ccgggggggc aaggcaagg 439

40 (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 80:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- 45 (A) LÄNGE: 2483 Basenpaare
(B) TYP: Nukleinsäure
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

50 (ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH
(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

5 (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 80

```
gcaaaagtct tcaaaactatt gagaaagagc catagactga gtgcaggcac cagtgcgctc 60
10 ttattactgt gtcaattaaa tgaatgtatt tgaatgtttg gatacttacc tctgaatgta 120
ttttgagtaa taacttcaag tgcaaatat gccaatgcata atttctttgg tctcatgttt 180
ttccccctt ttcttttagg ctttgtcttc tgagtctata gaaaaacttc cagttttttaa 240
caagtcagcc ttcaaacatt atcagatgag ctctgaggct gatgactggg gtatcccaag 300
cagggaacca aagaacctgg caaaagaagt ggccatgtga agagggacac tcaggacact 360
15 ttacgggatac aaagtgggtc tacaccagtgt ctgcttcctg aatgtttgtg tgtgaacctc 420
tgtttctctc aaaacaaacg acagcaacga aaactcctta atcagaacac tgatccaatg 480
aggaatggag cttgtttctg tgaccacgga gaacttagtg caagactaca ggagttaaca 540
gatggccagc tcttattttt ttaatgtaga ataactcctg agtttatatc aaatcctgaa 600
gaaataagcc tcagttttcc atctgttttt gataagaata agaaagggag tgagtgtgaa 660
20 gatggtgggt agcagtttca ctaagactga tatttttaggc ctcttgttca catcaaaaaga 720
tattggtgtc agaataccag cattttcctg ccatgcaaag gattaaaact tagtttacac 780
tatgtggtta caaatatatg tcaatgtaca ttttgaacat atttatgtgc tatgggaagg 840
aatgctgggt actaaaaataa ggtttactct gaaagaggag gaattttatt caaagcattc 900
aaacatttta ttcaagtgtt tcaaaattca aagcattgta ttcaaagttg cagtgaaggc 960
25 atcaacttat gtaaaaactc agaaggaagg ctctctgat aaaaacacag ctcttttatt 1020
atgctgcttt tcttggtcac tttaacacact aagtaaacac ttattgtcag gtgcttagtc 1080
ttgagtgaat tgttagatgt gcactgaact cgggatgttg gggattggag agagagaatt 1140
gcaaaagtaa cagcaaaaat atctcttact ttgctttgtt tataaataaa ttagtagatt 1200
ggaaaaacta gtgttaggga aagaaatcac atgttcagag cctaattcag taggaagggc 1260
30 ttttctctac cctgaaatga aggtaatcca aaggcatcca ttttctaggc taaaagatal 1320
tatttttgat atatttaatg atattctcta cactccagca ttaatatgtc tgtttaaaaa 1380
ttactaattc tcaaatggct caagaacatt agaatttaag taccttttag agtaattatt 1440
ttaagcaaat agcctggacg taagagattc tcatgccagc atgctttcat ttgtcagttg 1500
ttgtgactga gagataatga atgacacctg aaatgcata ggtatttttg ggagagttaa 1560
35 ggtataatth gaagggtggc agaccagttg ggctgattac tcttagagaa gaagaaatgg 1620
aaaaatgaaa gaaggcagga aggaaagaaa ggatatagga agagagggaa gcagaaggca 1680
ggcatttttc ttttttcccc acaaaattatt tcaaaaaaaa tctgtatttt ctgggatatt 1740
tcattggcaa gaggaagaac tgggtgtttg aaagcagtat ggattcttta aatgcctctc 1800
actcttacia gatagtaggc tttgagataa taaacttacc cgtgtcaatt aacatttaaa 1860
40 ctggcatata gaaaaaaagg aggatttttc tgcatgttaa aataatcagt atggtttata 1920
tggtgaatth gacatttgtg tgtaatttca tgggtggccta gtgttggtgt gcttctggta 1980
atggtaatag aagctcaact atttttttgt ggatttcagt tttatcatc agaagtccta 2040
gacagtgaac tttcttaatg gtgggagtc agctcatgca tttctgatta tacaaaacag 2100
tttgacgtag gttatttgtc atttcagttt tttactgaaa ttgagctaa acatttttac 2160
45 atgtaaatac ttgtattttac caaagattta aatcagttga ttaattaatt aactcaaaata 2220
ctgtgaacta tctttaaaac actagaaaaa agaaatgtta gtatctcaat tacaccaact 2280
gtgc aaatga actttgataa aatagaaata atctacattg gcctttgtga aatctgggga 2340
agagctttag gattctagta gatggatact gaatactcag gccacttaa tttattaatg 2400
tatacattgt gtttttgtct ttatgctatg tacagagaaa tgtgataatt ttttataata 2460
50 aatatttttt atgatgataa aag 2483
```

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 82:

55

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 353 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRANG: einzel

60

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

5 (iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

10 (A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

15

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 82

20 ggtggtgggg gggggggtgt tgggccaaaa gacttcggta tctgacaaca gcatcatcta 60
cctcagtcac tagggtttct taataaaaaa gaggttgat ttttgacttg gttattaagg120
ttattaaaat tagcccttcc ttgaaatat gacatcagct ttgctgttct aaatttaaaa180
ttagttgctt catcagtaac acacttccag tttctatacc aagccagtct cctcagtttt240
cccattagaa tggacatgtg ctgttcagcg tgtcatgtct gtaatgcttc atgcagagag300
tttggtcata gtattaaaga gaaaatacag tgaggtcaca atgtctccag agc 353

25

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 83:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 1039 Basenpaare

30 (B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

35

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

40

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

45 (vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 83

50 cggggataac caaacacagc tgtttacggt ttctccctta acccatgctt tcataaaccc 60
cttcggacag cttccccgct caggctttct aaccacacct accccagggg tgccgcattc 120
ctgcactcag aagtctgcag cggctccctca aaaaacttga ttgtgccata aaaatcactg 180
gggatcttgt taatacagct tctaactcaa tagatctggg agatcctgca tttctaacaa 240
gctcccaggt aaggcggagg ctgctggtgt gaggaccatg ctgtgagcag cagggcgaga 300

```

gtgccagggt ctgatata ttggaaatat caccctgaa gccatcgctg gccccacct 360
cctgtggact gatgccccag ggattcccac cccacttctg caaccccagg tatccttcat 420
tatccacccc atoccagact cccaccccag ggattgcccg tgaagacttt ggccctagcaa 480
attgtgttgg ttatgtgagt gttgttttaa tcagagatgt acatgattgc caatctgcat 540
5 ttcttaccag tgtgaccaca ctgttacgat gcaattctag ccaaaaaaaaa actttttcct 600
agtcttatgg aaagcaaata tacaatgatt ttcagtaggc ttctggaata gaaacagtgg 660
tttgaagacc cactgcccac ctttatggac tggccccctt gagtctgaat ccccggcctc 720
tgtcacctga gaoccaaacc ctactgtggc caactccagt gaattcacc atttttcttc 780
ttcagaaggc ctttctgtg tgagaccac atatttttaac cttttgctcc tatccattt 840
10 ttaaagaatt agagaataaa ccaggcctgt ttcttttccc ctgaaatccc tgccctctggc 900
ttcctaaacc catcatctaa ggtgacagag cagtgtctgg aataggcatc ttcttttcaa 960
ctttcccaaa actggccaca gataggctgg ccatgggaag ggtctttgga tttcggggga 1020
ggcaaacgtg ggggattgt
1039

```

15

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 85:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- 20 (A) LÄNGE: 330 Basenpaare
 (B) TYP: Nukleinsäure
 (C) STRANG: einzel
 (D) TOPOLOGIE: linear

25 (ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
 hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

30

(vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH
 (C) ORGAN:

35 (vii) SONSTIGE HERKUNFT:

- (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 85

```

40 agtgtattca gcaaatgagg gtcagaactt tcagtttatt gatggttatt cagccgcaga 60
tgagagttta tgcgtcagcc acttcaattt ctgtaaacag aggcacaggc caaggactgt 120
aaggggcaga actagttttt cttcaaaatt gcctaggcat aataaggaaa atagcacttt 180
tatttcaagg aaaccgatgg aatgttcaaa tgaggaagtt gttaatcaag ggcagtcgga 240
tgatcaatg ggtaaatttt aggtggcgtc aaggaggggc ttatattcac tcaaaccgg 300
45 atgttatttg gtcgggcca gggttgaagg
330

```

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 86:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- 50 (A) LÄNGE: 235 Basenpaare
 (B) TYP: Nukleinsäure
 (C) STRANG: einzel
 (D) TOPOLOGIE: linear

55 (ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung

hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

5 (iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

10

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 86

15

```
atttaagtat tttttagttt ttaaaatgtc tttccggtga gggaaggagc cccagccaga 60
aagcaattca atcatggta agtttccaac tgagtcacat tgtgagtggg taatcaggaa120
aaatgaggat ccaaaagaca aaaatcaaag acagatgggg tctgtgactg gatctttatc180
atccattcta aatccgattg aatattgcgg gcttacaaaa tgccaagggg gtgac 235
```

20

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 88:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

25

(A) LÄNGE: 866 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

30

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

35

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

40

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 88

45

```
caggaccagc ctggccaaca tggcaaaacc ctgtctctac taaaaagtaa aaaaaattag 60
ccgggcatgg tggcttgtgc ttgtagccc acttcagtct aagtagctgg gactacaggc120
acgtgccaca agccagccta atgtgggtgt tttgttagag atgaggtagg gccatattgc180
ccaggctcgt cttgaacacc ggggctcaag gaatctgcc atcttcgcct cccaaagttc240
tgagatagca ggtgtgagtc atcatgcca gcctccttga agtttactaa caattgggat300
aactgaggga agagaagtga caattccact cagtctatta gaggtctgga tataaggtag360
ccacacaata actctaactt gacttctaac cattctatct tattgatttg gaggtgtct420
tctgccagat tttttgtggc ttgagatgat attttcgaac ccttctttca ctacctttct480
tacccttaat gtgccaagct tgaaacagga tttgatttcc tgagctactt gttcgccttc540
```

50

tgtagcgtcac caagtaatct ggttcacatct tcgtctcatt catgttattt tcaagtga600
caagacattt tgggggtcaa gtctcttttg gtgtttttgt tttatgtata taaaaatgga660
ttttgtgttc cctttccatg taagtaccaa cttatatgga aactcacaat cataatgtaa720
agaagaaatg aaagcctggg gtattgtact tcaagatgcc tccctgatgt atagaatctc780
5 cttgtaaaat aaataattgc attgtatata agtcctccca tcaatattaa ttattaaata840
ttttagaatt tttaaatacc aactat 866

10 (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 90:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 846 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

15 (C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
hergestellte partielle cDNA

20

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

25 (vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

30 (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 90

ctccttgccc aacggaaaaa acatggaagg gttaagccta aacaaccctc aaacgggaact 60
35 ttatgccaga aaacaactac ggaataaaaa cccacaaaaa tacagagagg aacgttttta120
accttttaggg cctgcgtcct ctgccttttg cccatcaggg tcaaagagta ggagtggaga180
aggaaagggat gggacagcat cccctgggac gtccaagtac catccctggg ctccactctc240
cagccttaga gagtggacca gccagagcac ctgcgtctgga ctctcagacc tgctgctttg300
tctctaccaa ccttggcagg gatctaggat ccatttagtg ggatcaggtc ccagtcaata360
40 ccattggggc tcaaataagt tcttagaacc acagagtcta gggccagggt cccaactcat420
aggtagcggg gttccctttc aagctcgtgc cgaattcggc acgagcgggc acgagcttga480
agggaactcc gtcagctatg agttgggacc ctggccctag actctgtggg tctaagaact540
tatttgagcc ccaatggtat tgactgggac ctgatccacc taaatggatc ctatagccct600
gccaaggttg gtagagacaa agcagcaggt ctgagagtcc agacgaggtg ctctggctgg660
45 tccactctct aaggctggag aaggagagac aggatggtag ttgaacgtcc cagggatgct720
gtcccatccc ttcttctctc actcctactc tttgacctg atggccaaag ccagagacgc780
aggccctaaa ggtaaaaacg tcctctctgt attctctggc ttttactccc tagtgtctct840
gcataa 846

50

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 92:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 1374 Basenpaare

55 (B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
hergestellte partielle cDNA

5

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

10

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

15

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 92

```
20 cgaaagcgct ggactaccgt tggtttcgcg aacttcctcg attatcctcg ccaaggactt 60
tgcaatatat ttttcgcgct tttctggaag gatttcgctg ctcccggaag gtcttggacg 120
agcgctctag ctctgtggga aggttttggg ctctctggct cggattttgc aatttctccc 180
tggggactgc cgtggagccg catccactgt ggattataat tgcaacatga cgctggaaga 240
gctcgtggcg tgcgacaacg cggcgcagaa gatgcagacg gtgaccgccg cgggtggagga 300
gcttttgggt gccgctcagc gccaggatcg cctcacagtg ggggtgtacg agtcggccaa 360
25 gttgatgaat gtggaccagg acagcgtggg cctctgcctc ttggccattg acgaggagga 420
ggaggatgac atcgccctgc aaatccactt cagctcctc cagtccttct gctgtgacaa 480
cgacatcaac atcgtgcggg tgtcgggcat gcagcgcctg gcgcagctcc tgggagagcc 540
ggccgagacc cagggcacca ccgaggcccg agacctgcat tgtctccttg tcacgaaccc 600
tcacacggac gccgtggaaga gccacggctt ggtggagggt gccagctact gcgaagaaa 660
30 ccggggcaac aaccagtggt tccctacat ctctcttcag gaacgctgag gcccttcccc 720
gcagcagaat ctgttgagtt gctgccacaa acaaaaaata caataaatat ttgaaccccc 780
tcccccccag cacaaccccc ccaaaacaac ccaacccacg aggaacctcg ggggcagagt 840
cgttggagac tgaagaggaa gaggaggagg agaaggggag tgagcggccg caccagggc 900
agagatccag gagctggcgg ccgcgatca gatggagaag gggggaccca gccagcagg 960
35 agacaggacc ccgaagctg aggccttggg atggagcaga agccggagtg gcggggcacg 1020
ctgccgcctt ccccatcacg gaggtccag actgtccact cgggggtgga gtgagactga 1080
ctgcaagccc caccctcctt gagactggag ctggcgtctg catacgagag acttggttga 1140
acttggttgg tccttgtctg caccctcgac aagaccacac tttgggactt gggagctggg 1200
gctgaagttg ctctgtaccc atgaactccc agtttgogaa ttatagagac aatctatatt 1260
40 gttacttgca cttgttatc gaaccactga gagcgagatg ggaagcatag atatctatat 1320
ttttatttct actatgaggg ccttgtaata aatttctaaa gcctctgaaa aaaa 1374
```

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 93:

45

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 761 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRANG: einzel

50

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
hergestellte partielle cDNA

55

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

5 (C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

10 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 93

gcctgatggg ctggagccag actgtgtgtct gaggaggaga cacagcctta taagctgagg 60
gagtggagag gcccggggcc aggaaagcag agacagacaa agcgtagga gaagaagaga120
ggcagggaag acaagccagg cacgatggcc accttcccac cagcaaccag cgccccccag180
15 cagccccccag gcccggagga cgaggactcc agcctggatg aatctgacct ctatagcctg240
gcccattcct acctcggagg tggaggcccg aaaggtcgca ccaagagaga agctgctgcc300
aacaccaacc gcccagccc tggcgggcac gagaggaaac tggtgacca gctgcagaat360
tcagagagga agaagcgagg ggcacggcgc tgagacagag ctggagatga ggccagacca420
tggacactac acccagcaat agagacggga ctgcggagga aggaggaccc aggacaggat480
20 ccaggccggc ttgccacacc ccccaccctt aggacttatt cccgctgact gagtctctga540
ggggctacca ggaaagcgcc tccaacccta gcaaaagtgc aagatgggga gtgagaggct600
gggaatggag ggcagagcca ggaagatccc ccagaaaaga aagctacaga agaaactggg660
gtcctccag ggtggcagca acaataaata gacacgcacg gcagcacaaa aaaaaaaaaa720
aaaaaaaaatcc ttgttaaaaa aaaaaaaaaa aaaaaaaaaa a 761

25

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 94:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

30 (A) LÄNGE: 1825 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

35 (ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

40 (iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

45

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 94

50

agggaagcta gtagcggacc ggaagtgagg caccctcggg ctcgagacag cggcgacgtt 60
taaagctgag cgaccagtg ccaactggaga cggtcagctt ctccactcag gtcctccag 120
cccgagccag aagacccctt ccccagaat tctgggggco gatggaagg agccgagtca 180
gatcgcgagg taccagagac cgacagaccg gagcgacagg gaggtgccag aagccccgcc 240
55 cctaggagtg atcggaagac ctaccccatc cgggtgagga acccgagga ccgcctccgg 300

```

gcgagagcgcc gaccatggct acgcccctgg tggcgggtcc cgcagcteta cgcttcgccc 360
ccgcggcctag ctggcaggtt gtgcgcggac gctgcgtgga acattttccg cgagtactgg 420
agtttctgcg atctctgcgc gctgttgccc ctggcttggg tcgctaccgg caccacgaac 480
gcctttgtat ggccctaaag gccaaaggtg tgggtggagc gatcctgcag ggccggccctt 540
5 gggcccaagt cctgaaagcc ctgaatcacc actttccaga atctggacct atagtgcggg 600
atcccaaggc tacaaagcag gatctgagga agattttgga ggcacaggaa actttttacc 660
agcaggtgaa gcagctgtca gaggctcctg tggatttggc ctcaagctg caggaacttg 720
aacaagagta tggggaaccc tttctggctg ccatggaaaa gctgcttttt gactacttgt 780
gtcagctgga gaaagcactg cctacaccgc aggcacagca gcttcaggat gtgctgagtt 840
10 ggatgcagcc tggagtctct atcacctctt ctcttgctg gagacaatat ggtgtggaca 900
tggggtggct gcttcagag tgctctgtta ctgactcagt gaacctggct gagcccatgg 960
aacagaatcc tcctcagcaa caaagactag cactccacaa tcccctgcc aaagccaagc1020
ctggcacaca tcttcctcag ggaccatctt caaggacgca ccagaaacct ctagtggcc1080
gacacttcaa tctggccctt ctaggccgac gaagagttca gtcccaatgg gctccacta1140
15 ggggaggcca taaggagcgc cccacagtea tgctgtttcc cttaggaat ctccgctcac1200
caaccagggt catatctaag cctgagagca aggaagaaca tgcgatatac acagcagacc1260
tagccatggg cacaagagca gcctccactg ggaagtctaa gagtccatgc cagaccctgg1320
ggggaagggc tctgaaggag aaccagttg acttgctgc cacagagcaa aaggagaatt1380
gcttgattg ctacatggac cccctgagac tatcattatt acctcctagg gccaggaagc1440
20 cagtgtgtcc tccgtctctg tgcagctcgc tcattaccat aggggacttg gtttttagact1500
ctgatgagga agaaaatggc cagggggaag gaaaggaatc tctggaaaac tatcagaaga1560
caaagtttga caccttgata cccactctct gtgaatacct acccccttct ggccacgggtg1620
ccatacctgt ttcttctctg gactgtagag acagttctag acctttgtga tagaactaaa1680
atgctctctg tactctagtc tctgcctcc tcagctctgc aagtagttta gtaggaaatga1740
25 agtggaaagtc caggcttggg ttgcctaact acactgctaa aaatatttgt aatccttaat1800
aattaaactt tggatttgtt aaaaa 1825

```

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 95:

30

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 1374 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRANG: einzel

35

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

40

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

45

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

50

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 95

```

ccgggattcg cctccgggg agcgatttgt cctcgggagg ggccggggagg tggacgcggg 60
taccggcggg cgtcgggtcg gcagcctttg gtcagttggc agcggcaagc gcgctgcggg 120
55 tccggtggcg ccatgtcgtt ctgcagcttc ttccggggcg aggttttcca gaatcaacttt 180
gaaectggcg tttaactgtg tgccaagtgt ggctatgagc tgttctccag ccgctcgaag 240
tatgcacact cgtctccatg gccggcgttc accgagacca ttcacgccga cagcgtggcc 300
aagcgtccgg agcacaatag atctgaagcc ttgaagggtg cctgtggcaa gtgtggcaat 360

```

```

gggttgggcc acgagttcct gaacgacggc cccaaacccg ggcagtcctc attctgaata 420
ttcagcagct cgctgaagtt tgctccctaa ggcaaagaaa ctctgcctc ccaggggtcac 480
taggcgggca gcccacaccc accccagacg gccaccacac tgaggccaca cgttggccat 540
tccaccttgg agttggaacc ctgggcgtcg agacaggaag gcagggcgca gtggttgaaa 600
5 catcaggaca ctcccaaggc cccggctctg aacaagacct ttctgtttct tggaaaagag 660
actcattttg tgatggttca tgctttctgc tgggacaggc ctgggctgtg cagccacact 720
gtcggctgac ttagcccccct gctcactcta ggtgcctcca ggaggtgagc cctgggtgca 780
gctggctctc gaatgacgtt acacctcac ctctttttcc tggccctgtc tctggactct 840
ccccgtgtgag gcccatttcc aagacagact ctctctctca ccgaagctta ggcccacatc 900
10 tcccaggctg cttaggagac agaattgaaa cggaggccgc ccctgccagc cgccctggcc 960
ctggctcactg catgatccgc tctggtcaaa cctttccagg ccagccagag tggggatggt 1020
ctgtgacctg ctgggaaggc aggtgatggg ggcacaccct tggcctctcg tccacgaggg 1080
gagaaacctt aacctgtttt cacaatctgt gcggaagtag ctgtcctcac ttctgttag 1140
gaaagcggct gttgtccat aactctaacc agcacagggc tgaggcctgc agtgcacacc 1200
15 tgcaggaggg ccttcccaa ggtgtggtga ctgtgcctta ctgtacatgc tcggaggcct 1260
ggccatatag gagggtgggt gatgctgaaa tcacccccca tcttaagtaa ttactttctg 1320
gagtaatcag gtggaaatcc atagacaaat gaaacattca gatgtaaaaa aaaa 1374

```

20 (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 96:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 2615 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

25 (C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
hergestellte partielle cDNA

30

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

35 (vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

40 (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 96

```

cttgggaagc tcttggatct ttgtcaacct gactgtgcga ttctgtatct tgggaaaaga 60
45 gtccctttat gacacattcc atactgtggc tgacatgatg tatttctgcc agatgctggc 120
agttgtggaa actatcaatg cagcaattgg agtcaactac tcacgggtgc tgccttctct 180
gatccagctt cttggaagaa attttatttt gtttatcatc tttggcacca tgggaagaaat 240
gcagaacaaa gctgtggttt tctttgtgtt ttatttgttg agtgcaattg aaattttcag 300
gtactctttc tacatgctga cgtgcattga catggatttg aagggtgctc catggcttcg 360
50 ttacactctg tggattccct tatatccact gggatgtttg gcggaagctg tctcagtgat 420
tcagtccatt ccaatattca atgagaccgg acgattcagt ttcacattgc catatccagt 480
gaaaatcaaa gtttagattt ccttttttct tcagatttat cttataatga tatttttagg 540
tttatacata aattttcgtc acctttataa acagcgcaga cggcgctatg gacaaaaaaa 600
gaaaaagatc cactaaaaag aaagatttag atggcttctt gccagtttga gcctaactcg 660
55 attcttacag ttttaccttc ttgaaccaat gtaaaagttt ttttaagtgt aaatgattaa 720
attctcagtg aggtatctt ccttttcccc agtaacattc ctgaatttac tgttatctta 780
ttgtagtact tgcagtacat ggattcctga tatctgatga gaggttcatt cttgtgtatt 840
cagttaatga caccaaaagg ctcagccccc cccaacccta tctcatgttc agtctgtcta 900

```

```

    atacatgcca gagatttttt tttcaaaaag tgctttatcc ctacaatgta ctgacagttc 960
    ttacagttga gatttggtct tttcagctat tgcttgtaaa aaaaagcaag actatgtcac1020
    tctatagaag gctgttaaag tgactcaggc aggaattaat tattctgtac ctaagggggt1080
    acttggttaa tgggatggca ttgacttttt gaaaatcaag tggactgagt cattgataaa1140
5   acattttctaa gagtggggct agagaacata ctttacatct gacatccttt ggcctaacaal200
    catctattat tatagtgctc agcagtggtg gcattgaaga ggcgcagaat gctttgaaag1260
    aaactaatca gaatcttgga acatcatgat catgccattc ttaagtaaat caactat1320
    caacactgaa gaaaaatgaa acattattta gaaaacaatg agattacaag ttccaaactc1380
    agccagggaat gtggctcaca cctgtaatcc cagcactttg ggacacctag gtggggagcat1440
10  cgcttgaaag caggagttca agaccagctt gggcaacgta gtggagacct ctatctctac1500
    aaaaaataaa aaaattagct ggggtgtgat gcacacacct gtttgtecca gctactcaag1560
    aagctgagat gggaggatcc tgagctcagg aggtcaaggc tgcagtgagc cgagattgtg1620
    ccactgcaat gcagcctggg gtgacagtgc aagaccctgt ctcaaaccac accaaaccac1680
    acacacacaa acacacatac acacacacac acacgaggtc caaatggtag cagggatcca1740
15  aagggaacac agtatgtagg tcaaaactgg agtaacagtg tacagccttt gacaaaactag1800
    aaatattaga gtaggcaaaa cacacctcca aactgtaagg ctgtgcacaa acataaaaaa1860
    tggcagcctt ccatctcctg cactggctga gtccattttac ttgtgtactt gttctagtga1920
    gtgggtgggac tgtacatttt tgaatagacc tcaaaaatac ttcatctgc tgctgttcag1980
    ttggcttttt aaacctgtct gcagtaggac actgaaaaca gcaagaactt cggggtgaac2040
20  acccgctgat cctttaacaa ggattttctg caggaaactc acaaaaagga gaactgaaaa2100
    tttagacata cagttggcca ttgtaaaaaa catcagtttc ctctcatata ttccaagtaa2160
    accaagtaaa ataagtgttg gagtaacact tgcataaaaag aatttaagga gtgatagctc2220
    tttctgttct gccattccca acattcctgg gggaaaggag actcaatgag ttaatactat2280
    ttcactgagc ccaagatgga aacttggttt gacctaaaac atctgattaa tataggctag2340
25  ctgatttctt aaaaattcgt tgcattgaag gatattttgc atgtctgtaa cacctgtcaa2400
    tacttgtttg tattgatttc tgatattctt gcagctgact acgtgttaatt gggcagatca2460
    gctttgcagt agattatgct gcatcctcgt ggcaaaatic tgtattctta gtgattgtta2520
    caaaccctt tattgtctgc tgagaaagtg aaagattgtg tatttctatt aaaacattta2580
    caatcaaaaa aaaaagaaag aatagaagaa aaagg                                     2615
30

```

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 97:

35 (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 508 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

40

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

45

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

50

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

55

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 97

```

    gttggcagaa acccggaattc cggttccggt gggcctccat cagcaagctc cagtgcctacg 60
    tgcacctggc attttaggtg tcggttgggt aggcagtcac ggatcaggta atgcagttt120

```

ttgagccaag tcggcagttt gtaaaggact ccattcggct ggtaaaaaga tgcactaaac180
ctgatagaaa agaattccag aagattgccg tggcaacagc aataggattt gctataatgg240
gattcattgg cttctttgtg aaattgatcc atattcctat taataacatc attgttgggtg300
gctgaataca ttttggaaga gagtttttca tcttagagat tgggtgaaca gtgtgaggggt360
5 gtgagaaact cacagaatac aaatttgcct gtatgttttg tgggtttttt ttttctctt420
caagatgttt tctatttcta aattaaagta atttcaaagt aaaaaaaaaa aaaaagtcga480
cgcgccgcgc aatttagtag tagtaggc 508

10 (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 98:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 3588 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

15 (C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
hergestellte partielle cDNA

20

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

25 (vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

30 (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 98

ctccgtctca aaaaaaaaaa aaaaaaaaaa aaaagggag ggaatcccat tttgtgatga 60
35 tttgggcaca ctacttgagc tgaggctagc agtcacatga ttttggtctg ctctgacctg 120
aagcttttga agtaagggtta tgtctcttcc ctgaagcttt gtttatagt gtaatttggg 180
gagtttgagc tttgagcttg tcttagaaaa taagactgtc caccgtggga ggggagctta 240
tagggaaccc gtgttaactc agaattgctga agaaagtgtc tttagccaac aaaagtaaga 300
ttactatcta gaagggtggaa agaagtcatt gcttctgttc ctccagcagt cagttgactc 360
40 taggttttct ttggtttata tcccagttc ttaataactaa aacttatttg acttctatc 420
aggaagcaca caaaaaaagc gtcattttaa accctggata taggctttaa aggatacaaa 480
aacagcagca ttgtggtttt gccagggttca tcaccatttt gatgtgctac ccactctcc 540
acctccctt tctgcccccc aagcctccca gccaggccag atgtgaagat tctattaatc 600
actgtttcag agaacattaa ttcttgtata gaataattat ctactaaatt gcttattatc 660
45 tgtgactacc ttgcagagaa catctcaaca gtgcagtaaa atagctctcc tagacttgag 720
cttcagacca ggcattttaga tcactcttaa gcctttgtgg aattctgagg aaaaaagca 780
agatgcctca atgccaatgc tgggccataa gattctactc cctccctgt aggggtggggc 840
gcgtggctca gctttgaaa atcattttgc cagtaatat gctgtgaat cctttaaga 900
agtcgtcctg atctgagcct gtctttctga gcactttggt gctgaattga aaatggtaag 960
50 ctaaaagcagt gacagatcca cgtagcctct ttaacctctt tattatcttg ccaaaaaaa 1020
agtctctcag gttaaacctt tgtctttaac ctccctttgt tgtggagaaa atgtgtcact 1080
aatcagtggt ccaagggata tctagctttg gttactcagt tctgcagca taacagatat 1140
gacttatgcc aggaaggta gagctgatt atggagacac ccaggaacag gaataagaag 1200
ggataggtct gctccacgta gaacctcccc agatcggaag ttaagtcttg gagagtctcc 1260
55 aaagtgtga agtaaaaagg agacttgag ggctttgct taatgagcaa gaggttgtg 1320
tctcccaag aacatgagg agttcagaag ggagctatag ctacagaca gaaacctgcc 1380
cgctacccc atccctcgtg actgggagca tgtttgctca gaattttcta agaggactct 1440
cccttcaaaa atccaatttg ctcccagaat gttgttttag ctctgagaat ctactcttt 1500


```
catttccatc tgtgaatgga catagatgtg ttgctcaggg atcagaaaaca tcagagtcac1560
gggcccagtg gcatgggtgtt gcattagtag ttagaaaagt aattgggtcag ctctactgtal620
aaagaaataa gtatgtagta cagttttgta aatgtcaggt ctgttctgtt gttttgtgat1680
ctgaagactg tcaaaactggt tgataatcaa agaaaagggtt ggtgggttaga ataagtaaaa1740
5 tttcagtttag aaagatatag cttaccaggt ttccatgtgc ttaaggaagt caagaatatt1800
tcaggttgtt gagaactgtt gtaaaatgga attgaagcta gtgtctctca ccttcttagg1860
tgtatcagag agaggaagtg gaaggccagt agtagcatct tcatacttac ttttgccagc1920
ccagcctcca tttcaaagac tttgtcttcc atcctatcca atgacatggt cagggatggg1980
ctctgaggag gcagtggagg cccaccttgg tttgtctcac tgtgggtgtg agtctccaaa2040
10 cagcttaagg gtttttaagt tttctcacga ttacctccac tccactcatc tactatcagc2100
atcagaaaag ttaacatccc tgggaccatt ctacttataa aagagatgaa ctagtgtgct2160
ttctccccct ttcagggtgt gccatccata tacaatctcc tcttggccaa gttcaacaaa2220
tgtttccagg gaaccccggt ggttgaggca aagtagccaa gatgtattga gtttaagttt2280
tctagaggac aaaagtattt cttgtccctt ttccctcatg ctcatatgtt ttagctgagg2340
15 cgtaaatggc caagttgagt aatatctgtg gaactgagac agagagccag ggacccatgt2400
accagggac cagtcacctg gggaatcaca cagtggctca gactagactg ctctatccca2460
ccagaactct gctgctgttc atttccatca ggaccaccca ggaaagcaaa taagttagcc2520
ttctcatcat taggtcacct aatctcttgg gttgcaggat gagagcatat atagatctcc2580
tgtttagaga gtgtgttcat aattgtagaa agggatagaa aatggaataa ccaagaggct2640
20 gtgtcatttt ttaagaggat ggcaaggatg acctcaaatg agctcaacaa aactgggaat2700
ccaaggaatg gtgctttagt ggaaagagag gtcagttgtg gtccttaaac ctcttggcac2760
cttgtgcggg ttataaaaaca aggagctgga gtaaaattgc ccttaccctc aatccaaatg2820
ctgtccagga ttttaggagct acccaacctg tggttatatg gtgttgggtt ccattttttg2880
tttgttttgt tgtttccaaa atagccttgc ttggtactgc atggaaagtt caagcttttc2940
25 ttcttgcccg ctccaggctg gcctcttccc cgtgtcttca cagcgtccct aaggaagatt3000
tttgcagcac tctctggagc tgaggggagt gaaatttggg ccagagaagg cggaaggaaa3060
tagttttcct gtttcctttt ctccagggtg atgtccctcag gcttccctca cacctccttc3120
tcatgggtgc ggctggcagt acagtcaggc tgtggaggag ggctgagaag aaaggggcac3180
tggtccagcc ccaggttttg tctgagacag gtacacagca gataccatcc caccttccct3240
30 tctaaagaac aggccagcca cacatataac cctttcccta ctttactaat gtatccctta3300
tgtgttacca gcaatggagg acaggcagac ttacccctg ccacttagag agaagtgtgt3360
tattaccctg aaaacttgac caccocccata tcccactcct ttttgtaaaa acaaatgctt3420
aaacctgtga gcctgccgtt cctttctatg tgtaaatcag tttccttcca tttgagctgt3480
gtggggaggga agggcattga aattgtaggt tgtaatcttg tgccaaccaa taaaaaccag3540
35 tatttcacac acaaaaaaaaaa aaaaaaaaaa aaaaaaaaaa aaaaaaaa 3588
```

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 99:

40 (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 1218 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

45

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

50

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

55

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 99

```

5  tggtagcggtt taaataacaa atctgctaaa gttaggcaac aggcagctga cttgatttct 60
   cgaactgctg ttgtcatgaa gacttgctca gaggaataat tgatgggaca cttgggtgtt 120
   gtattgtatg agtatttggg tgaagagtac cctgaagtat tgggcagcat tcttgagaca 180
   ctgaaggcca ttgtaaatgt cataggtatg cataagatga ctccaccaat taaagatctg 240
   ctgcctagac tcaccccat cttaaagaac agacatgaaa aagtacaaga gaattgtatt 300
   gatcttgttg gtggtattgc tgacagggga gctgaatatg tatctgcaag agagtggatg 360
   aggatttgc ttgagctttt agagctctta aaagcccaca aaaaggctat tcgtagagcc 420
10 acagtcaaca catttggtta tattgcaaa gccattggcc ctcatgatgt attggctaca 480
   cttctgaaca acctcaaagt tcaagaaaag cagaacagag tttgtaccac tgtagcaata 540
   gctattgttg cagaaacatg ttcacccttt acagtactcc ctgccttaac gaatgaatac 600
   agagttcctg aactgaatgt tcaaaatgga gtgttaaaat cgcttctctt cttgtttgaa 660
   tatattgttg aaatgggaaa agactacatt tatgccgtaa caccgttact tgaagatgct 720
15 ttaatggata gagacctgt acacagacag acggtagtgt cagtgggtaca gcacatgtca 780
   cttgggggtt atggatttgg ttgtgaagat tcgtgaatc acttggtgaa ctatgtatgg 840
   cccaatgtgt ttgagacatc tcctcatgta attcaggcag ttatgggagc cctagagggc 900
   ctgagagtgt ctattggacc atgtagaatg ttgcaatatt gtttacaggg tctgtttcac 960
   ccagcccgga aagtcagaga tgtatattgg aaaatttaca actccatcta cattgggttcc1020
20 caggacgctc tcatagcaca ttaccaaga atctacaacg atgataagaa ccacctata1080
   atccggttaa tgaaccttgg cctatagctt agtaatttta agtgggttat tttgggtggt1140
   aatgcccaact gcttcacacc ttaacttgc tttgagttgg tgggtgtacc tttaaacatg1200
   cagatcagtg gtgactgg 1218

```

25

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 100:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

30

- (A) LÄNGE: 1303 Basenpaare
- (B) TYP: Nukleinsäure
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

35

- (ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

40

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH
- (C) ORGAN:

45

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

- (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 100

```

50  gtgctcaaga agtgccctga gttgggtgtac agtgccatgg ccagcaagaa tcccagattt 60
   caggttttat tacaaaaatg aagtggteac ttggcgattt ttagtagacat gcatgagtta 120
   ccttttttct ctatgtctga gaactgtcag attaaaaaca gatggcaaaag agatcggttag 180
   agtgcacaac aaaatcacta tccattaga cacatcatca aaagcttatt tttattcttg 240
   cactggaaga atcgtaagtc aactgtttct tgaccatggc agtggtcttg ctccaaatgg 300
55  tagtgattcc aaataatggt tctgttaaca ctttggcaga aaatgccagc tcagatattt 360
   tgagatacta aggattatct ttggacatgt actgcagctt cttgtctctg ttttgatta 420
   ctggaatacc catgggccct ctcaagatgt ctggacttct aggacattaa gatgattgtc 480

```

```

5  agtacattaa acttttcaat cccattatgc aatcttggtt gtaaagttaa acttctaaaa 540
   atatgggttaa taacattcaa cctggtttatt acaacttaaa aggaacttca gtgaatttgt 600
   ttttattttt taacaagatt tgtgaactga atatcatgaa ccatgttttg ataccctttt 660
   ttcacgttgt gccaacggaa taggggtgtt gatatttctt catatgttaa ggagatgctt 720
10 caaaatgtca attgctttta acttaaatca cctctcaaga gaccaaggta catttacctc 780
   attgtgtata taatgtttta ttttgcag agcattctcc aggtttgcag ttttatttct 840
   ataaagtatg ggtattatgt tgcacagttta ctcaaattgt actgtattgt ttatatttgt 900
   accccaaata acatcgtctg tactttctgt tttctgtatt gtatttgtgc aggattcttt 960
   aggttttctc agtgaatct ctgcctttta agatatgtac agaaaatgtc catataaatt 1020
15 tccattgaag tcgaatgata ctgagaagcc tgtaaagagg agaaaaaac ataagctgtg 1080
   tttcccccata agttttttta aattgtatat tgtatttgta gtaatttcc aaaagaatgt 1140
   aaataggaaa tagaagagtg atgcttatgt taagtcctaa cactacagta gaagaatgg 1200
   agcagtgc aaataattaca tttttcccaa aaaaaaaaaa aaaaaaaaaa aaaaaaaagt 1260
   atacgttgga atgaaaaaaa aaaaaaaaaa aaaaaaaaaa aaa 1303

```

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 101:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 2333 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 101

```

45  tgaaaaatgc ggacagtata ttcagaaagg ctattccaag ctcaagatat ataattgtga 60
   actagaaaat gtagcagaat ttgagggcct gacagacttc tcagatacgt tcaagttgta 120
   ccgaggcaag tcggatgaaa atgaagatcc ttctgtggtt ggagagttaa agggctcctt 180
   tcggatctac cctctgcccg atgaccccag cgtgccagcc cctcccagac agtttcggga 240
   attacctgac agcgtccccc aggaatgcac gggttaggatt tacattgttc gaggtctaga 300
   gctccagccc caggacaaca atggcctgtg tgacccttac ataaaaataa cactgggcaa 360
   aaaagtcatt gaagaccgag atcactacat toccaacact ctcaaccag tctttggcag 420
   gatgtacgaa ctgagctgct acttacctca agaaaaagac ctgaaaattt ctgtctatga 480
50  ttatgacacc tttacccggg atgaaaaagt aggagaaaca attattgatc tggaaaaccg 540
   attcctttcc cgctttgggt cccactgcgg cataccagag gagtactgtg tttctggagt 600
   caatacctgg cgagatcaac tgagaccaac acagctgctt caaaatgtcg ccagattcaa 660
   aggccttccc caaccatcc tttccgaaga tgggagtata atcagatatg gaggacgaga 720
   ctacagcttg gatgaatttg aagccaacaa aatcctgcac cagcacctcg gggccctga 780
55  agagcggcctt gctcttcaca tctcaggac tcaggggctg gtccctgagc acgtggaaac 840
   aaggactttg cacagcacct tccagcccaa catttcccag ggaaaaactc agatgtgggt 900
   ggatgttttc cccaagagtt tggggccacc aggcctcctt ttcaacatca caccgccgaa 960
   agccaagaaa tactacctgc gtgtgatcat ctggaacacc aaggacgtta tcttgacga 1020

```

```

5   gaaaagcatc acaggagagg aaatgagtga catctacgtc aaaggctgga ttcttgccaal1080
    tgaagaaaaac aaacagaaaa cagatgtcca ttacagatct ttggatgggtg aagggaattt1140
    taactggcga tttgttttcc cgtttgacta ccttcagacc gaacaactct gtatcggtgc1200
    gaaaaaagag cattttctgga gtattgacca aacggaattt cgaatcccac ccaggctgat1260
    cattcagata tgggacaatg acaagttttc tctggatgac tacttgggtt tcctagaact1320
    tgactttgctg caccagatca ttcttgcaaa atcaccagag aaatgcaggt tggacatgat1380
    tccggacctc aaagccatga acccccttaa agccaagaca gcctccctct ttgagcagaa1440
    gtccatgaaa ggatgggtggc catgctacgc agagaaagat ggccgcccgcg taatggctgg1500
    gaaagtggag atgacattgg aaatccctcaa cgagaaggag gccgacgaga ggccagccgg1560
10  gaagggggcgg gacgaaccca acatgaaccc caagctggac ttaccaaatc gaccagaaac1620
    tctcttcttc tggttcacca acccatgcaa gaccatgaag ttcacgtgtg ggccgctt1680
    taagtgggtc atcatcggtc tgctgttctc gcttatcctg ctgctcttcg tggccgtgct1740
    cctctactct ttgccgaact atttgtcaat gaagattgta aagccaaatg tgtaacaaag1800
    gcaaaggctt catttcaaga gtcacccagc aatgagagaa tctgcctct gtagaccaac1860
15  atccagtgtg attttgtgtc tgagaccaca cccagtagc aggttacgcc atgtcaccga1920
    gccccattga ttcccagagg gtcttagtcc tggaaaagtc ggccaacaag caacgtttgc1980
    atcatgttat ctcttaagta ttaaaagtgt tattttctaa agtttaaatc atgtttttca2040
    aaatatTTTT caaggtggct gggtccattt aaaaatcctc tttttatatg tgtcttcggt2100
    tctagacttc agcttttgga aattgctaaa tagaattcaa aaatctctgc atcctgaggt2160
20  gatatacttc atatttgtta tcaactgaaa gagctgtgca ttataaaaac agttagaata2220
    gttagaacaa ttcttattta tgcccacaac cattgtctata ttttgtatgg atgtcataaa2280
    agtctattta acctctgtaa tgaaactaaa taaaatgtt tcacctttaa aac 2333

```

25

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 102:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

30

(A) LÄNGE: 1377 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

35

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

40

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

45

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 102

```

50  cattactgtt atatgagaaa cattttagta atttaataaa aggataatgt ttattttaaaa 60
    aacctgactt ttccagagta attttgtttt gcacattcat gtttattgaa gtggactaat 120
    ttctataatg caaatcagag ttaaatatta aaaattgtgt aaatacaatt gacataggaa 180
    ttacattaaa atattaggaa gaaacaagga caaattttaga ccttgaatcc gaagagataa 240
    agcttacttg actttcaaat ggagagatga tgaaaaccca ctcatcagc ctttcagaac 300
55  aaaaagacag tcacttgata agagtatgac atggatgaaa tgccctacag gggccttgga 360
    catctttaat ttctgcgatt atgtgaaaaga ggtggacttt acagataatg gagcagaagc 420
    caacattagt aaaaggaatc ccaacttctt cccatagaat tagaaacatg tgaaagtaca 480
    ataaacttct tgttcaaat accagcatca gagagcttcc catttgcatc tagaccttga 540

```

atttatatatt attgatcaag ttctaatttg tatgtatatt ttgtgcatat tcaccaataa 600
 cagttaaaaat taattatgtg ttatagttaa tatatgcacc taccttcttc cgttagtga 660
 tcagttaaag tggtattttg tcatttttcc aaagagagtg ttgtagggtt tccctgtagt 720
 tcttccctta tagcttttct tctgataacc atgacttcag gagctttaa actatctatc 780
 5 ttgcatttgt gtctggcgga gaactagcca tcagcctcct gaagcctgcc atcattgtta 840
 atttgaggac tgggctgtct tggggctcag aaggtaaaga actatttgag cagatgtgtg 900
 tgggtggcac tggattccac ccaactgcca agttagtatt gttagagatt tcattttaca 960
 acacaaaaat aagcctgtgt caaagatttt aaaatcatgg aaagttaaaa tctagaaaga 1020
 ccttagagaa ccagccaacc aactctctca ttttaaaagt gaaggattca tagcacagat 1080
 10 tacttgccca agatcatcca ggaacgaaga caagaatcca aatgtacttg gggacaagaal 1140
 ttagtcccca aattcagtggt tcttccctagt attaaacatt gccctttctg acaaattttg 1200
 gatttcaatc ttgggtatatt tcagtaaacc tgetgattta ttaggttact gggtagatga 1260
 cattagaatg tagatagcgt gcacgctatg atagactctg ctaagacatg ttcccagtgt 1320
 ccagcagcaa tgtagatatg tgtgacagtg gtcattgtaga agttataaag cagagta 1377
 15

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 103:

- 20 (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:
 (A) LÄNGE: 315 Basenpaare
 (B) TYP: Nukleinsäure
 (C) STRANG: einzel
 (D) TOPOLOGIE: linear
 25 (ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
 hergestellte partielle cDNA
 (iii) HYPOTHETISCH: NEIN
 30 (iii) ANTI-SENSE: NEIN
 (vi) HERKUNFT:
 (A) ORGANISMUS: MENSCH
 (C) ORGAN:
 35 (vii) SONSTIGE HERKUNFT:
 (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 103

40 ataaggaatg agaagaaagg ctgtgtctta tcagtaggtg agatggaact ggtcctggta 60
 gtgttgaggc aggacaggca cttagtctctg atgctgtggc cctttgtgat agtagagcac 120
 cgggggtaac caccactcct ttaggtactg tgtagtgaac acagaagtaa aatatttcaal 180
 ttaatttaatt tagaatgtta tgttttactg gaacctgcaa tatgcatgta cagaattaat 240
 45 aatttttact cttttgggtc agttatacta aggcaaagcc agtggattca aaagtgaagac 300
 attgacaggc cattt 315

50 (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 104:

- (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:
 (A) LÄNGE: 2355 Basenpaare
 (B) TYP: Nukleinsäure
 55 (C) STRANG: einzel
 (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
hergestellte partielle cDNA

5 (iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

10 (A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

15

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 104

```
atgatcatgc cactgcactc catcctgggt gacagcaaga tcttgtaaaa aaaaaaaaaa 60
aaaaaaccag gagtgaaaaa ggaaagtaga aggcagctgc tggcctagat gttgggttgg 120
20 gaatattagg tgatcctggt gagattctgg atccagagca atttctttag cttttgactt 180
tgccaaagtg tagatagcct ttatccagca gtattttaag tggggaatgc aacgtgaggc 240
caactgaaca attccccccg tggtgcccc gatagtcaca gtcaagggtg gagagtctcc 300
ttccagccag tgacctaccc aaaccttttg ttctgtaaaa ctgctctgga aataccggga 360
agcccagttt tctcacgtgg tttctagctt cttcagactc agcccaaatt aggaagtgc 420
25 gaagcacatg atggtgaaaa acctaggatt tggcagcctt ccagaatggt atggaatctg 480
agggagagatt tatgtttcgt tttggaggat agctcaagtt gaattttctt tccagccagt 540
taccttttca acctacccat actttgtaca actcttacac aaatacttag atatttatta 600
gatagccctg aattcactct aattataaac agggagtgtg aactgcccc agatgttcc 660
gggctgggta aaagcagctg gagtgaagca ctcattttcc ataaaggtaa caaagggcag 720
30 ctcaagtgtt actcaagctc aaaagggtt ttttaagagc aagcattggt taagtctgtg 780
tatactgagt tggaaagtgt ttcagcacat tcttttttag tggagtgaat gttctgaagc 840
ccccctttta cttcctcttg gtttttcatt ataattggtg gccatctcat gaactgtctc 900
tgactgttgt cttttgtgg tcatgtgatt gtgagcttgc tttctgactt gcatttctga 960
ctttatcctg ttgttaggaa gatagaaact aggttttgaa agattacatg attcaagcga 1020
35 gggattttta agtaaagatg tatttattct gaagaatcta aaagataaca gattatttgc 1080
ttatgaaaga acaatatagt ctgggaatcc cagaatgtca agccaaaggt ctaagaagtc 1140
atctccttca aatactttta taaagaagta ttctgaggag atatctgtcc aaaaagggtt 1200
gaactggcctc cagattccag ttatttttaa aaagcaactt accactaaat ccttgagtc 1260
ccatagagta acagtaagaa aactgatgta acagactctc ctctcaaagg atctcctctg 1320
40 gaagagacta tcagcggcag cattctccag ggaagacca tcccctagtg ccagagcttg 1380
catcctggag actaaagatt gcactttttt gtatgttttt gtccaaatgc aatcccat 1440
ctgtgcctct tagcatgcag ttagatttgg acaacaaga ttccctaagg atgactttat 1500
taactataat atggttacag ctattatata aatatataat ctggttatag ttctaata 1560
gagatgttgt gtgcaatgct ggctgtggt ggtctgtgta atgctttaac ttgtatgg 1620
45 gaggccaggc tcagagctga gatgtggcct gaaccttccc tgtatcgatc cttaattt 1680
gaactgtcaa gatgtcactt tctccccctc tgccttttag tggatctga catatact 1740
aaacagtaat ttcttggtca catcattaac tgctaattct gtatttataa agaatttt 1800
gatggacatg tacaattttg aactcaaaac atccccagtc cagatacagg gcagctgt 1860
ggtagaccaca ccagagcctc agcctcggtc cttctcagcc gtccgggatg gatccagg 1920
50 tttcttttaa atctcagagg tagcagtaaa cttttcagta ttgctgttag caagtgtg 1980
tttgccaata gataccatt atactaatgt gccaaagtaa tgttcattgc acatctgt 2040
ccactgtgtt cccacgggtg ccatgaagtg tgtgaggagc cctcatctg gagggatg 2100
tgctgcgttg actactgcta tcaggattgt gttgtgtgga atattcatc acataaatt 2160
tatatgcaca gtaatttccc tttttatag tcaagtaact atttgtaaa gttatact 2220
55 caaattatta taatgattac taatatattt tttccatgtt tcattgcctg aataaaaact 2280
gtttaccact gttaaaaaaa aaaaagtaaa aaggaggagg tgggaaaaaa aagctggggg 2340
gggggcccgg tagcc 2355
```

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 105:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- 5 (A) LÄNGE: 1339 Basenpaare
 (B) TYP: Nukleinsäure
 (C) STRANG: einzel
 (D) TOPOLOGIE: linear

- 10 (ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
 hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

- 15 (iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH
 (C) ORGAN:

20

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

- (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 105

25

```

attcggcagc agcatgaaac atgctcattt tacctaacag taaacaagta tgttttgata 60
gatatctgtt aatatgctta tagtggttaag aaatggactt gaggtcccag gagatttcat 120
tttattcacc ctggtcagat acaataaagg ctatgagtat aaatacataa cttoctaacc 180
aggtgtaggg catgttcattg aatatcaaatt cttttgatgc tggacccaag agaggaaaag 240
ttgtagctaa atgttgattt acttataact agacgtctat gtgagaaaat atatgtatac 300
atatatatga tatgcagaag tcaactttttt tatcaggcctt tattctcctt acaaagccac 360
agttaactg tctgcaacag ttggtttatg ttaatgatag acaaataccg agtgtttgtt 420
actttttcca actaccactg taatgataat ctttctcag tatatacatg caacttcttg 480
gcttcatttc catgaagctg tttcaatata ttcagtatac tttgtcctta atgctgcttc 540
tgtaaacagt gatctctttc tttttttcat tcttatactt tcattagtgc atcataaatc 600
tgtccagttg aggcctcagg accacggcat gatttcatga ctccgaagta ttttacagaa 660
acatttttta aataagggaa atattttata taccagatgg ttcacaagtg atggctcata 720
gctagttttt ttttttcttc taaaaaatgt caggttttta aaatcattta cttatttaa 780
atgaaaagtg ccataactta cttttaaagg aaagacctga cttgcttttt ctctatttag 840
actgtttttg tactttacta atctttaaac tatcaggaaa aaaacaaaaa ctttatacca 900
atgatttagt aattttgagg catagggtag cttacgtagt ggaggatgtg ccaaattatc 960
tcttcaaatg ccaccttctc aatttataac taaaatagtg ttatctgact aattcctctg 1020
aattttgatg taagatctat ataggccccc aaaatgatcg tagtacatgc cagtcatttc 1080
tcagtgaat aaatacaata ccagagtaca ttatgggttt tattgctttc ttttatggta 1140
gacctgttaa tggggaaaaa atacatcaaa tcaaatagaa tcttatactt gtatgttaaa 1200
atagagcact tacctgaagt cagtggcctg gatcatagcc ctggatcatt tccagtcctg 1260
tctgtgctg ggtggacctt ggacaaggcg ctgcagtagg tgatggctga gagcccttcc 1320
ctgttcccaa gtgccttgt                                     1339

```

50 (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 106:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- 55 (A) LÄNGE: 3751 Basenpaare
 (B) TYP: Nukleinsäure
 (C) STRANG: einzel
 (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
hergestellte partielle cDNA

5 (iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

10 (A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

15

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 106

```
gatcgcgagc ggccttttga atctatttgcg caaaagaagt ttcatthttgg ttacttagac 60
ctaagatcac ttattaaaaa tccttatttt ctccaagccc agcaaacgtt gacttctggg 120
20 caaacctgaa aacctgaaaa tgccactttc atgcagtttg tttgaagtta agtggaaatcc 180
tttcaaatga cgagctgcag agaactcagc accaagggct gcctatctgt agatagctgt 240
aaaatggaat attttttaaaat gaaggcaaat aagtacttaa aagtgcgtg agcaataaaa 300
tgggtccaata atagggtaaat gcaacagaaa cagaaggaga cctggttgcc ttatgccttt 360
actcttacat ggaataaaatt cccaatgcat atcctatgta aaccataagt gaagggaaat 420
25 aaacctcgctc atgctccatg ctgtgagggtg tcctttggat attctgtgat gacagagaag 480
cctattttgt tttgttttca gcatctttct ctgatgtacg tttttaagga tttgtgaaga 540
gctgttttca gtgttttaaa tagtgctatt ttctctgtt tttaaaaatg aatctcgtac 600
tgtatcttac tatgtccata cagatgttac aaatcgacag ttttattctt agactcatgt 660
gatccaagct gtatatacca tatataaaca ttttcatga atcatttagt tttttaattc 720
30 atttactaat gctataaaat ttcttatatt accccagtaa tttgcacag ctggtttata 780
tactaaagca acatgttttg atgagtttct tacatcctta tcgaggaatt gggtaggaa 840
aaaatacata attgtaaaac tgagtttgct gtattatact tttttcttg agtattagtt 900
gtattactaa tcatatgttg attaaactgtc tacttaaaagt caaggtacct gtatttttaa 960
tccactaatt ttttttttagt tgggaaatag atttcaggtc ttttattaga ctaacatttt1020
35 ttgagaagta aaattgactt catatacaaa gcctgtaatt ttaggcgaaa tgggaagcaga1080
aatctaggaa gttgtgcttg cttgtatgtt gagtttggtc tcagactaag taatgcatca1140
gaattcatct gtttgaagcc tgaaataatt taggactctg attcactgac caaaagtcag1200
tgttgcagag atttctctac cccgtatggt attttgttag attgttcaac aggaagcaca1260
tgattgagaa catcttgagg cagacaaaaa ccactgacag atggcaaggc tcggcgattc1320
40 tgatttccct tctcaaatct gctcaactcc aagagtcttg agaaactgtt aaaattttgc1380
ctctgtcact caagtcttac aaatgttacc ttgtaaacct ttgaggtgaa ctattccact1440
gtcttgtaca taggcactctt attcactgca cctgtgcaca ccagcaccc cccgccccgc1500
acattatttg aaagactggg aatttaaatgg ttagggacag taaatctact tctttttcca1560
gggacgactg tcccctctaa agttaaagtc aatacaagaa aactgtctat ttttagccta1620
45 aagtaaaaggc tgtgaagaaa attcatttta cattgggtag acagtaaaaa acaagtaaaa1680
taacttgaca tgagcacctt tagatccctt cccctccatg ggctttgggc cacagaatga1740
acctttgagg cctgtaaaagt ggattgtaat ttctataaag ctgtaatagt ggaggtattg1800
tgggttcatt tgagtaagcc ctccaaagat accattcaaa taacctggga gaatgtcata1860
aattattcag ataattaaca ctgcatgaat ctgattcaga ggcattgcat tacatatgtt1920
50 gccctaatta ccatthgatg atcataaata caagtgaatg acattggact tttagtaaca1980
aacttaattt ttaaaaaggt gtagacaatg gtggttaaaa aaaaaaaaaa aacaggtacc2040
aggttctgtg tgtttgcacc aagtaattga catgtttttt gtttaataca tgtggaccat2100
gaacagtatt cattctactt tttcaaatga tatgctgtag aaaatattcc ttgaagatgt2160
gagatttaaa aatttttccc tttcaatgtt gttttaattg tatttcttac ttggtttttt2220
55 tgattgatag cacagtgata aatcataata ctagacaaaa ttgtcttctc tttcaaacca2280
gagccatata tatgtctgta tatatgggac ctactgcttc tctgaggaaa tgcataatct2340
gttaatatca gacaaaaatga gcaattggca gtgctcataa tatattccaa tttttattgg2400
aattttcgat ggaatgttat ttcaataaag ccattgtaagg tgaaactttg ataacttttt2460
actcttcaag ttagggtaaa ttctgatcca atattcaatt catttgtgta ctcccacatg2520
60 caaaaatgcta aattacaatg cagacattaa gaaaaagtat tgactggagg ggttgaattc2580
```



```

crtgagaatt tattttatag tctaaatcac aaatacttta ctcaatttag tttttaaat2640
agtaaaactga atatttttgt tgtaagccta tcagagtcaa tccttcgttt ggaattggtt2700
tcctgttttt cttactata aatcatttaa aaactgaatt cattttctta gatggcataa2760
gtctgtctct tgagaaataa gtaaaatact cctattttca gtatctgtag cacctgaaat2820
5 aggtccttgt atagccagaa acaagttagt ttgaagttag cttttctttg tcaacagt2880
tggacaataa aaatctgaaa gtattaacac ttgattttct actggggccc ttcaaacttg2940
gttggaagaa attcaaccag aatatctaca ttagagtata atcatgtgtg gtaggaagat3000
ggactagtta atcaagattt gttgtcactt aaattttttg tgattttttt ccaagccagt3060
ttttttaaat tctaaatgtg ttttgaggta tgggtacatt aattgtaatg taaactatta3120
10 tacaactgtt tttgcgactt tataggcagg taaattttgc tattactatt gaatacaaat3180
gacaattcat ttatgaccac tcaaacagcg ttagtaacca tttagtaca aaggattaaa3240
acatccatct ggatgttaat tttgaagatg taaattatat gttgtttaaa tttttccagg3300
catctgaaaa ccttatctgc tagacaatgt aagattcaca cagagttatc tgggattctg3360
atttttttaa tagtacatat cattaaacca ttttctctaa atgtaagaag agcagaaaaa3420
15 atcttataag attatcagat ttttctaatt acacagaaat gtaagaaaaa aatcccttta3480
tattgaaaaa agatgcagtc aaagtctttt cagacatgcc caaactttga gaatttcttc3540
aaccatctaa tgctataaag atttttgttc ttctgttcca caaccagttg tataacagaa3600
atactagcta ctgttttctt tctgtgtgtg gaagtaatga atcattgatt atgtgacttg3660
ttatgtattc aattaaacac taaagaataa aacattcact cctttaatta ataaaaaaaa3720
20 aaaaaaaaaa aaaaaaaaaa aaaaaaaaaa a
3751

```

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 107:

25 (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 300 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

30

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

35

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

40

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

45 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 107

```

cgctcggccc cgcgggagag atcgaggtgt acttgcccaa gactctggcg gaaaagctgt 60
atctatgtca gtaccctgtg cgtccagcct cgatgaccta cgatgacatt ccgcacctct120
cagccaagat caagcccaag cagcagaagg tagagcttga gatggccatc gacaccctga180
50 accccaacta ttgccgcagc aaaggggagc agattgcgct gaacgtggac ggggcctgcg240
ccgacgagac cagcacgtat tctcgaagc tgatggacaa gcagaccttc tgctcttccc300

```

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 108:

55

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- (A) LÄNGE: 1465 Basenpaare
(B) TYP: Nukleinsäure
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

5

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
hergestellte partielle cDNA

10

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

15

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

20

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 108

```
gccaaccttc cctcccccaa ccttggggcc gccccagggt tcttgggcac tgcttgttcc 60
tcttgggtgt cactggcagc cctgtccttc ctagagggac tggaacctaa ttctcctgag 120
gctgagggag ggtggagggt ctcaaggcaa cgctggcccc acgacggagt gccaggagca 180
ctaacagtac ccttagcttg ctttctctct ccctcctttt tattttcaag ttcttttta 240
tttctccttg cgttaacaacc ttcttccctt ctgcaccact gccgtacct ttaocccccc 300
cgccacctcc ttgctacccc actcttgaaa ccacagctgt tggcagggtc ccagctcat 360
gccagcctca tctcctttct tgctagcccc caaagggcct ccaggcaaca tggggggccc 420
agtcagagag ccggcactct cagttgcect ctggttgagt tggggggcag ctctgggggc 480
cgtggcttgt gccatggctc tgctgaccca acaaacagag ctgcagagcc tcaggagaga 540
ggtgagccgg ctgcagggga caggaggccc ctcccagaat ggggaagggt atccctggca 600
gagtcctccc gagcagagtt ccgatgccct ggaagcctgg gagagtgggg agagatccc 660
gaaaaggaga gcagtgtctc cccaaaaaca gaagaagcag cactctgtcc tgcacctggt 720
tcccattaac gccacctcca aggatgactc cgatgtgaca gaggtgatgt ggcaaccagc 780
tcttaggcgt gggagaggcc tacaggccca aggatatggt gtccgaatcc aggatgctgg 840
agtttatctg ctgtatagcc aggtcctgtt tcaagacgtg actttcacca tgggtcaggt 900
ggtgtctoga gaaggccaag gaaggcagga gactctattc cgatgtataa gaagtatgcc 960
ctcccacccc gaccgggcct acaacagctg ctatagcgca ggtgtcttcc atttacacca1020
aggggatatt ctgagtgtca taattccccg ggcaaggcgg aaacttaacc tctctccaca1080
tggaaccttc ctgggttttg tgaaactgtg attgtgttat aaaaagtggc tcccagcttg1140
gaagaccagg gtgggtacat actggagaca gccaaagagc gagtatataa aggagaggga1200
atgtgcagga acagaggcgt cttcctgggt ttggctcccc gttcctcact ttccctttt1260
cattccacc ccctagactt tgattttacg gatattctgc ttctgttccc catggagctc1320
cgaattcttg cgtgtgtgta gatgaggggc gggggacggg cgccaggcat tgttcagacc1380
tggtcggggc ccactggaag catccagaac agcaccacca tctaacggcc gctcgaggga1440
agcaccggcg ggtttgggag aagtc 1465
```

50

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 109:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 1488 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRANG: einzel

55

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 109

```
cggccggagg agcaggatgg agatccctgt gcctgtgcag ccgtcttggc tgcgccgcgc 60
ctcggccccg ttgccgggac tttcggcgcc cggacgcctc tttgaccagc gcttcggcga 120
ggggtgctg gaggccgagc tggtctgctt ctgccccacc acgtctgccc cctactacct 180
gcccgcaccc agcgtggcgc tgcccgtggc ccagggtgcc acggacccc gccacttttc 240
ggtgctgcta gacgtgaagc acttctcgcc ggaggaaatt gctgtcaagg tgggtggcga 300
acacgtggag gtgcacgcgc gccacgagga gcgcccgat gagcacggat tcgtcgcgcg 360
cgagtccac cgtcgtacc gcctgcgcgc tggcgtggat ccggtcgccg tgacgtccgc 420
gctgtccccc gagggcgctc tgtccatcca ggccgcacca gcgtcggccc agggccccacc 480
gccagccgca gccaaagtag agggggctgg gccgcgccc caccocggga gcctctcag 540
gctccctcta ttaaagccga tctgactccg ccagccaga tgtcccgagt gcgccaagga 600
ctgtctcttc acccactcct ggattctgcc ctgacctcca tcttgacac tgcttgata 660
acatagacc ttccactgac accctcgctc tcagagcccc tccagcttcc cgacccaca 720
ccgacaactc cccggtctcc agaccctacc agcactacc taaccctcag ccgacagtct 780
cagcccaacc gaccacttt ctggcatat agcccaact aagacccctc ctctacttcc 840
ttctgagtc tctacaaaga catccgggta ctacatttcc atcccttccc tattttgaca 900
ccaaattatg gtgtagacag ccttgcccca accccaggcc agtcaggcac aatcccccca 960
cccccaaac gtccctggact gcacagacct cccactccag accatccagg cctgggtccc1020
aagaccgat ccttccctg caaccagaca gtctacaact gcccctcca gccattttc1080
tgccgtgaaa cccagccag ccacaccaga ctctggaacc ctttttcgac tgccccaact1140
cttgacacc aggccaaacta gaacaccaa caccaaactg tacagactct cccaccccaa1200
cctccccaga ctctgacgg atgtcctagg cccctcccc aactctaacc agaccccatc1260
cccctaagtc cttttgtctt gacccccaag tcttcaacca gatatcctg gcaacccacc1320
tcccaccctc ctctctctct ctttcaagac ccaactgagc acccgctctg attccccaca1380
gcctttctcc ctgccaccac tcccttagtc tttccaggc ttactctccc aataaatgtg1440
ctagagctct gccaaaaaaa agaaaaaaa gtcgacgcgg ccggaatt 1488
```

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 110:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 783 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

5 (C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

10 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 110

```
aacatattgt tgaaaggtaa tttgagagaa atatgaagaa ctgaggagga aaaaaaaaaa 60
aaagaaaaga accaacaacc tcaactgcct actccaaaat gttgggcatt ttatgtaag120
ggaagaattc cagggtatgg ccatggagtg tacaagtatg tgggcagatt ttcagcaaac180
15 tcttttccca ctgtttaagg agttagtggg ttactgccat tcacttcata atccagtagg240
atccagtgat ccttacaagt tagaaaacat aatcttctgc cttctcatga tccaactaat300
gccttactct tcttgaaatt ttaacctatg atattttctg tgctgaataa ttgttatgt360
agataacaag acctcagtg cttcctgttt ttcacatttt ccttttcaaa taggggtctaa420
ctcagcaact cgctttaagg cagcagcctc cctgaagacc aaaattagaa tatccatgac480
20 ctagttttcc atgcgtgttt ctgactctga gctacagagt ctggtgaagc tcacttctgg540
gcttcacctg gcaacatctt tatccgtagt gggatatggt gacactagcc caatgaaatg600
aattaaagtg gaccaatagg gctgagctct ctgtgggctg gcagtcttgg aagccagctt660
tcctgcctc tcatcaactg aatgaggtea gcatgtctat tcagcttcgt ttatttttca720
agaataatca cgctttcctg aatccaaact aatccatcac cgggggtggg ttttaagtgg780
25 gct 783
```

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 111:

30 (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 1045 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

35

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

40

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

45 (C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

50 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 111

```
tctgttctgt ggacaactgt tactgttctt ccgtggccaa ccatggcggc caccagccct 60
accccgcctc cggccacttt ccctggacag tgccctcgca ggagtactca caccgcctcc 120
cgccacacac ctccgtcccc cagtcccttc ccagcctggc ggccagagac tggcttgacg 180
55 cctccagca gcccggccac caggatttct acagggtgta tgggcagccg tccaccaaac 240
```

```

actacgtgac gagctaacgc cacgcaggcg ggggggcgct ggggaatctt cctccccagc 300
ccccgggctc gggagttatg catccagaga cctgcccttc taccttcctc gcctcccctc 360
ttcctcattc cattgccccca ggtcttttcc ttttgatttt tgttttggtt ttggctttgt 420
ttttgatttt tttttattat gaatctcctg gacgcagagg tgacagtggg agctggcctg 480
5 ggcaggagcg gcaggtggcc ctggagatgg gaaagtgtct gtgtcgaggc gctgagctct 540
ctctctgttt ctcttttttt cctctactcc ttccccttca cccccccgtg gctggaagga 600
acctcggctt cctgaaagc ttgggggtcc cacccttctt accccaccog ggaggaacgc 660
ccaggggccc gggttgttt ctctcttgtt ttctcttttg ggcagtttga tctctgatcg 720
agtaagggaat gacctttaga ttgtgcgact tttgtttttg tttttttaa tttttttaa 780
10 ccaagaatga tttctcctgc ttctctctcc tcaccatctt cccagacgga gttcaaaggc 840
cacttctcaa gcagcttttg gcaccttcag cctcagagtg gaatctttta aagacaggac 900
ccctatgtcc aggaaggagg aaaaggaact ttgccaatga tagtgaccac agcaaaagca 960
aataataata atattaataa taataaaaga gaaaaaaaaa aatagaataa aaaaccaata1020
gcacagcccc ttgttgaagg tccag 1045

```

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 112:

20 (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 1386 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

25

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

30

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

35

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

40 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 112

```

cacaactcact gccatgaag gaagaggggg caagtgtacc gaggaagggg atgcctcaca 60
gcaagagggc tgcaaccttag gttctgacct catctgcctc agtgagagcc aggtttctga 120
ggaacaagaa gagatgggag ggcaaagcag cgcgggccag gccacggcca gtgtgaatgc 180
45 agaggagatc aaggtagccc gtattcatga gtgtcagtgg gtgggtggagg atgtccaaa 240
cccgatgtc ctgctgtcac acaaagatga cgtgaaggag ggagaagggtg gtcaggagag 300
tttcccagag ctgcccctcag aggagtgaag gggacaattt ggctgaagtc tttctctgaa 360
aaaaagccaaa ggtttatagg ggtacactta ggggttgcac gcaagctgtt accaaaaaat 420
ttttaagtat tttcttaatt tgaataataa aaccagagga aatgcataca gggcatgagc 480
50 aactgaggca aacctttgtg gacatgaatt gttctacgat gaatttttgc tttagtattt 540
taataaagaat tacaagagca atggcatact tggggtgaga gggagctgag gatgtctgag 600
gaggaatag tattgcaggg aagactgaga aaacagtagg atgacagttt tgagtatact 660
ctgcactttt caattgtgca atcttcttgt gcactttaag gctttttaat tttgtttgag 720
aatgcaaatg tatactgtaa gtctaccttt actatctact atgcctactt caccatctct 780
55 taaggactcg gcatttgtcc acagtcagac tgcaagagag gtaggtcat gaacagtcac 840
ccgtgctggc tgtagcccc acagaggcaa tcatgcccac tagattcaag agaagctaag 900
cggaaatgga ggggtggaagg tgtgatctgt gggactgtct gggcctgtta ctcactctgc 960
tatcaatttc ttattaatta atcttgatga ttcttattaa ttaatcacat ttgcaggaaa1020

```

ttcagatgag gcaagaaaat tttattggcc tgggtaagac tgaaagcatt ccaaattagg1080
cttagactgt gcaaagggt tagctaagtt atcgagctta aaacccgtca attaaacaaal140
cattatattga acagttactg catgccacgc actgtgttgg gcttagtaat aaaaaaaagal200
aaagataagt gcttgttcta gcataaatta aaaggtccaa gggaatttaa tctggaagag1260
5 aacatatgcc aattttttaa ctatgacagc tttttttttc tctttccatt caaataggcc1320
cgggttcagt cccagaaggg cacaaaatga atgaataaat aaataaatga ataaagacaa1380
aaaaaa 1386

10 (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 113:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 1747 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

15 (C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
hergestellte partielle cDNA

20 (iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

25 (vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

30 (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 113

ccagtctgtg agcccttgtc ctgtgggtcc ccaccgtctg tcgccaatgc agtggcaact 60
35 ggagaggcac acacctatga aagtgaagtg aaactcagat gtctggaagg ttatacgaatg 120
gatacagata cagatacatt cacctgtcag aaagatgggc gctggttccc tgagagaatc 180
tcctgcagtc ctaaaaaatg tcctctcccg gaaaacataa cacatatact tgttcattggg 240
gacgatttca gtgtgaatag gcaagtttct gtgtcatgtg cagaagggtg tacctttgag 300
ggagttaaca tatcagtatg tcagcttgat ggaacctggg agccaccatt ctccgatgaa 360
40 tcttgcaagtc cagtttcttg tgggaaacct gaaagtccag aacatggatt tgtggttggc 420
agtaaatata cctttgaaag cacaattatt tatcagtgtg agcctggcta tgaactagag 480
gggaacaggg aacgtgtctg ccaggagaac agacagtggg gtggagggtt ggcaatatgc 540
aaagagacca ggtgtgaaac tccacttgaa tttctcaatg ggaaagctga cattgaaaac 600
aggacgactg gacccaacgt ggtatatcc tgcaacagag gctacagtct tgaagggcc 660
45 tctgaggcac actgcacaga aaatggaacc tggagccacc cagtccctct ctgcaaacca 720
aatccatgcc ctgttctttt tgtgattccc gagaatgctc tgctgtctga aaaggagttt 780
tatgttgatc agaattgttc catcaaatgt agggaaaggt ttctgtctga gggccacggc 840
atcattacct gcaaccccg cagacagtgg acacagacaa gcgccaaatg tgaaaaaatc 900
tcatgtggtc caccagctca cgtagaaaat gcaattgtct gaggcgtaca ttatcaatat 960
50 ggagacatga tcacctactc atgttacagt ggatacatgt tggagggttt cctgaggagt 1020
gtttgttttag aaaatggaac atggacatca cctcctattt gcagagctgt ctgtcgattt 1080
ccatgtcaga atgggggcat ctgccaacgc ccaaatgctt gttcctgtcc agagggtgg 1140
atggggcgcc tctgtgaaga accaatctgc attcttccct gtctgaacgg aggtcgctgt 1200
gtggccctt accagtgtga ctgcccgctt ggctggacgg ggtctcgctg tcatacagct 1260
55 gtttgccagt ctccctgctt aaatggtgga aaatgtgtaa gaccaaaccg atgtcactgt 1320
ctttcttctt ggacggggaca taactgttcc aggaagaaagg ggaactgggt ttaaccactg 1380
cacgaccatc tggctctccc aaaagcagga tcactctctc tcggtagtgc ctgggcatcc 1440
tggaacttat gcaaaagaaag tccaacatgg tgctgggtct tgtttagtaa acttggttact 1500

5 tgggggtact ttttttattt tgtgatatat ttgtgtattc ctgtgtgacat acttttcttac1560
atgtttccat ttttaaatat gctgttattt tctatataaa aattatatta aatagatgct1620
gctctaccct cacaaaatgt acatattctg ctgtctattg ggaaagtcc tggtagacat1680.
ttttattcag ttacttaaaa tgatttttcc attaaagtat attttgctac taaataaaaa1740
aaaccgc 1747

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 114:

10 (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 1526 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

15 (ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

20 (iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

25 (C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

30 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 114

cgagcccaca ggccccggag tagcagcggg gaggcggga gcccgcgggc cggagccgcc 60
cgcccgaggc gtgggggctg cggggccggc ccacccgttg gggcgacttg agcgttgagg 120
gcgcgcgggg aggcgagcca ccattgttcag ccagcagcag cagcagcagc tccagcaaca 180
35 gcagcagcag ctccagcagt tacagcagca gcagctccag cagcagcaat tgcagcagca 240
gcagttactg cagctccagc agctgctcca gcagtcacca ccacaggccc gttgccatgg 300
tgtcagcggg ggtccccgc agcagccaca gcagccgctt ctgaatctcc agggcaccaa 360
ctcagccctc ctctcaacg gctccatgag gcagagagct ttgcttttac agcagttgca 420
aggactggac cagtttgcaa tgccaccagc cacgtatgac actgccggtc tcaccatgcc 480
40 cacagcaaca ctgggtaacc tccgaggcta tggcatggca tccccaggcc tcgcagcccc 540
cagcctcaca cccccacaac tggccactcc aaatttgcaa cagttctttc cccaggccac 600
tcgccagtc ttgctgggac ctctctctgt tggggtcccc atgaaccctt cccagttcaa 660
cctttcagga cggaaccccc agaaacaggc ccggacctcc tcctctacca cccccaatcg 720
aaaggattct tcttctcaga caatgcctgt ggaagacaag tcagaccccc cagaggggtc 780
45 tgaggaagcc gcagagcccc ggatggacac accagaagac caagatttac cgccctgccc 840
agaggacatc gccaaaggaaa aacgcactcc agcacctgag cctgagcctt gtgaggcgtc 900
cgagctgcca gcaaaagagat tgaggagctc agaagagccc acagagaagg aacctccagg 960
gcagttacag gtgaaggccc agccgcaggc cggatgacag taccgaaaca gacacagaca1020
ccagacctgc tgctgaggc cctggaagcc caagtgcctc cagcattcca gccacgggtc1080
50 ctgcaggtcc agggccagggt gcagtcacag actcagccgc ggataaccatc cacagacacc1140
caggtgcagc caaagctgca gaagcaggcg caaacacaga cctctccaga gcacttagtg1200
ctgcaacaga agcaggtgca gccacagctg cagcaggagg cagagccaca gaagcaggtg1260
cagccacagg tacagccaca ggcacattca cagggcccaa ggcaggtgca gctgcagcag1320
gagggcagagc cgctgaagca ggtgcagcca caggtgcagc cccaggcaca ttccacagcc1380
55 cccaggggcag gtgcagctgc agctgaggaa gcaggtccag acacagaactt ttccacaggt1440
gcacacacag ggcacagcca agcttcaggc cacaggaggc ttcttcggg cgcggtgttc1500
agtttcaggc caccaggggc agggcc 1526

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 115:

- 5 (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:
 (A) LÄNGE: 1205 Basenpaare
 (B) TYP: Nukleinsäure
 (C) STRANG: einzel
 (D) TOPOLOGIE: linear
- 10 (ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
 hergestellte partielle cDNA
- (iii) HYPOTHETISCH: NEIN
- 15 (iii) ANTI-SENSE: NEIN
- (vi) HERKUNFT:
 (A) ORGANISMUS: MENSCH
 20 (C) ORGAN:
- (vii) SONSTIGE HERKUNFT:
 (A) BIBLIOTHEK: cDNA library
- 25 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 115

```

cccagagaaaa accaatttaa tgcttctgtt ctcagcattt cacagcatgc aggactcaaa 60
tggatacaac agaagaaaac aaccacaaat ttttggaaaa ccctttgtcc aatgattcat 120
at tt t t gat at ct att t g a ca a t c c c t t a g a a c t t a a a t c t c a a a a c a a a a a a g t a c t g t 180
30 gg at c t c c c t c g a g c c g a a t t c g g t c g a g g g c g t c a c c t g g a g a t g a g a a g g c c c g c 240
g g g g g g g a c c a t g t g c c t g t g t c c c a c g a g c a g c c g a g a g g c g g g g a g g a c g t g c t g c c 300
c a g g a g c c c a g g c a g a g c c a g a g c t g g g g g c t c a a a c a g a g c t g t c c c g g g g g g c 360
c a g a g g c c g g a c a a t g c c a a g c c c a a c c g g g a c c t g a a a c t g c a g g c t g g c t c c g a c c t c 420
c g g a g g c g a c g g c g g g a c c t t g g c c c t c a t g c a g a g g g t c a g c t g g c c c c g a g g g a t g g g 480
35 g t c a t c a t t g g c c t t a a c c c c c t g c c t g a t g t c a g g t g a a c g a c c t c c g t g g c g c c c t g 540
g a t g c c c a g c t c c g c c a g g c t g c g g g g g g a g c t c t g c a g g t g g t c c a c a g c c g g c a g c t t 600
a g a c a g g c g c c t g g g c c t c c a g a g g a g t c c t a g c a c c t g c t g g c c a t g a g g c c a c g c c a 660
g c c a c t g c c c t c c t g g c c a g c a g c a g g t c t g t c t c a g c c g a t c c c a g c c a a c t c t g g 720
a g g t c a c a c t c g c c t c t c c c a g g g t t t c a t g t c t g a g g c c c t a c c a a g t g t g a g t g a c 780
40 a g t a t a a a a g a t t c a c t g t g g c a t c g t t t c c a g a a t g t t c t t g c t g t c g t t c t g t t g c a g 840
c t c t t a g t c t g a g g t c c t c t g a c c t c t a g a c t c t g a g c t c a c t c c a g c c t g t g a g g a g a a 900
a c g g c c t c c g c t g c g a g c t g g c t g g t g c a c t c c a g g c t c a g g c t g g g g a g c t g c t g c g t 960
c t g t g g t c a g g c c t c t g c t c c t g c c a g g g a g c a c g c g t g t c t t c g g g t g a g c t c g g c 1020
c g t g c g t g g a g g t g c g c a t g g c t g c t a t g t c c c a a c a c a g g c t a c t g t g a g a c c a g c 1080
45 a t c c a a c c c c a c g c t t g c a g t g a c t c a g a a t g a t a t t a t a t g a c t g t t a t c g a t g c t 1140
t c c c a c a g t g t g g t a g a a g t c t t g a a t a a a c a c t t t t g c c t t c a a a a a a a a a a a a a a a 1200
aaaaa 1205

```

50 (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 116:

- (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:
 (A) LÄNGE: 3968 Basenpaare
 (B) TYP: Nukleinsäure
 55 (C) STRANG: einzel
 (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
hergestellte partielle cDNA

5 (iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

10 (A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

15

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 116

```
ggtattttcta aaacataaag aggagaatta agtcagctgc agaacaatgg ggctgattct 60
tctgcttttt ctctggaaaa tctttcattg cttttggtgg aaatttacct agaggttaca 120
20 accacaggat gtagcttggg ctcttatttg ctttttggg aaaccaatta agattaatac 180
aggataaagg aaaaaagcaa tctatttcatt atataacaca gttgtttgta ttacttggtc 240
cctgcaaagg aaatctgttg aatgcttgca ttttgaattc ttttctaata gaacaaccaa 300
aaaaggcttc ttatggtgca gcaggaaaaa agatcatttt tatagctttg cattcttaac 360
atagcattta aagagcggca tgaattagag gaaagacatg gaacacacag gtagtcgggt 420
25 tgagatcatc ggcttaaaag tatectagga tggtaatgac ccagaagtat tccagttgt 480
ctagtgggtg ggtatgcagg aatgagaagt gttttctttc catttctgtg tggacagggtg 540
gcaatcttag cagagccact atttgaggtt gataactaaa gatgcaata acatgactat 600
gccttctggt catctagga ctatttgag tcttccaaaa ccttgtaaga ggcattgtcag 660
gcattgcagta aaagcatcta caacttcagc tgggcactgg cagcataggt ctcatcttgg 720
30 accatacagt cccactttat agaagagggt ggaagtctc caaaacaata tccacaacaa 780
agtctgacct cactctgagg gagatgggaa gtgggaggaa gaaggactaa ccagctccct 840
ggagtaagag gaatttgctt tccctgtctg cccaccaggg gctatatgtg ccacctttca 900
gggtggggcc aaggaagtga tgtcagtgtg acagaaggga gagttagacc tccagacgtc 960
agctccctc ccattgggta cattttcaat ctgagtgtt ttgccttagc tgtgttggtat 1020
35 ttagcttgat tgggttggtc gctggttatg aggtgtaggg aggcagtttt tgtttagttt 1080
ttaggacttt gcctcttctt ttgtccttag cataatttct aggcagagca tccacgaagt 1140
cggttttcat tgccagctca agagcgacaa tcatttacga gttcctatgt tatgttaggt 1200
gccttatgta tattatccca aatccactgc atggtttaaa tacaggcact ggaatataaa 1260
tgaaaaaggc cattacagtc actgacttct tgcaggacct taaacatttc tctttccaca 1320
40 agtttccctt taatcatgtg tcaaacctct ctctctgacg ggaatgttgt gctataatga 1380
atctgcataa cgcttgggat tctaggagga aggaagggtc catggacatg taagtacagc 1440
atattccctt cagtcttcta ggagggcaga gtgaatccca gaactggtaa gattgggaat 1500
ctgagcattg ccactttaat cttagaatat ttatcatttt gacacatcct gttttttaga 1560
gaggaaaaaca aacacagttt ctgcattggt agtgtaaagc ataccttgtt aggaacgtgt 1620
45 tttgtaagac acatttgggt tgtcattcta gagcatgtca aactttgtac ttcaaaatat 1680
atttagtatg attgttagtg gtaacatata tcaaggcttt gaattaaactg ttttatttaa 1740
ttttcacaag aagcacttat tttagccata ggaaaaccaa tctgagctac aaatagttct 1800
ttaaaaataag cccaggttat ttagctattc tagaaaagtgc cgacttcttt caagaagcag 1860
gcattgttagg acagctgaga attatcacat agcctaaatt ctagectggc agcaagagtc 1920
50 acatctgaga tgtccaaaaa aaaaaaaaaa aaacacctga tctacattga aagggggtag 1980
actaacgtat gtgagaccat ttctctatct gcagttacaa gggttaaagaa ctttgaagg 2040
cattcggctg ctaagaggga tgtcgaacac tctgtgtggc tctttcacag taaacctcc 2100
taagagcaga agacacatgg ctgttagtgt ctgcgttttag atttaatttc tcaaataaag 2160
gccttggct gcgtatcatt tcatccagtt ataaactagg gctcctgcaa gcacccccat 2220
55 tctaagggtg aattattgaa atcagttgct atttgatgag tcacaactgg cccagcaggc 2280
agggcatttg aagtcatggt catcaaaaag aaatgattgt tttttgaaaa gctaaatgct 2340
taaaaatgct ctagagggaa gtcgtggggc gtgtgctcat tctctttaaa atcagggttg 2400
ttgagtttgt ttttaaacat ttttataagt tcatgagaaa aaatatataa attctaagaa 2460
ccaaactgt attccagaa acatgacctt cgctgttctt ggttccacat atcattggac 2520
60 tctgggggac acaaagatgc ctgtgacact ttggtgttgc cgagttagtc aacaattatt 2580
```

ctgggaaaaa gcagaattga attcttctct agatgtecta ccagggttgg ccaagggccca2640
caaagcaggc taataaattc ccacaggatc cagacaccag gcaaaattgc tctaagaagc2700
cagttactgt catccctcta tggttctaga aaaaatagta caaaaatgac aggtcatcct2760
atgagcgtca tgccaatgaa accccatctt ctggagaagc ccttgaatca gaattatctt2820
5 ttttcttgat gtcgtcagat gcagccagtt tottaatttt tttaaaaact gtatgtttct2880
gtggtatgta tatttgta caactacc tggcacttgg aaatcacagc actactcaga2940
ggcaattgaa taaagagaaa ttaattttta aatatcaagt cctgtcaaac atttctcaaa3000
cttctgattt tatcaaaggt ttgccagcca ataaagtgc tcccaagtat acaggggaga3060
aagctagact cctacagggt cctagagttt aagtaatttt tttgttatta atataggtaa3120
10 taatttttct aatttttatt ttttggttcc aaatgtaaaag ctcttgtgt ttacctctgt3180
ttatgtcatt ctgacatgt ttatctaaat tatgtgtgct ctgtgacagg tgaaatgtaa3240
atctgggac catagtcaag atatcataag gacctacttc ccagcctacc tttcttctc3300
tacctgataa tgataatact caaaataaca acattcaaag gaaacacaaa gaaatcctgc3360
tttcacatct cctatttctt gggtcctta ataactactg atggtttgtt catgaaaaaa3420
15 aattttttaa tcaaaagatt gtacttggcc ctgagttgaa aaaatttcaa aaatcaaaag3480
tttgtaactg gccctgagtt gaaaaaaaaa attcacattc taagaataaa cagaaaaatg3540
ttcttcttgg aagtaaaata caaaagccat agtgttttca tttgtctttt cttcaggata3600
cacggtagaa gtcagagaa ctttgatact tttatttgg gcaataatca aggccatgca3660
acaacccaaa atcaagcatt ttggttcaag tcaggatgac atgagtggg acagaagctg3720
20 tggcagtcac tcaataatc tcatgggtcc tgaggaaaag acaggagtta acgtattaag3780
tttctactat atgcaggaac tgtgttaaat attttacata agttttgata atagctaaca3840
ttagctgagc acaaaatttg ggccctgatt tgtgctgagt atctttcaca gattactgct3900
tttaatcagc agtccttgtg agctaggtat gatcattatc cccatttata gattacggat3960
gagattcg 3968

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 117:

- (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:
30 (A) LÄNGE: 798 Basenpaare
(B) TYP: Nukleinsäure
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear
- (ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
35 hergestellte partielle cDNA
- (iii) HYPOTHETISCH: NEIN
- (iii) ANTI-SENSE: NEIN
40
- (vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH
(C) ORGAN:
45
- (vii) SONSTIGE HERKUNFT:
(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 117

50 gtaatgggaa atttggtgtg ctgaatcttc ttcttaggat attgatatat tccacgcttc 60
tagtggttat tctgggaatt ttacctgct cagtatttgc cctagggtac tagaaagagg120
agattgtcca aacttagcag tatggtocat ctogttaga agtggaatg tcatacagga180
tagcaaacac tcttggttcc tttttgccc ggcttgccc gagccggcaa cagcaacaaa240
55 atgtggagga tgcaatgaaa gagatgcaaa agcctctggc ccgctatatt gatgacgaag300
atctggatag gatgctaaga gaacaggaaa gagaggggga ccctatggcc aacttcatca360
agaagaataa ggccaaggag aacaagaata aaaaagtgag acctcgctac agtgggtccag420
cacctcctcc caacagattt aatatctggc ctggatatcg ctgggacgga gtggacagat480

ccaatggatt tgaacagaag cgctttgccag ggcttgccag caagaaggca gtggaggaac540
 ttgcctacaa atggagtgtt gaggatatgt aactttcctg aggctgtggg ggtggctggg600
 ctgtggtagt ggcatagga agcgagatat ccagtggtaa cagttgtctg tgctaataat660
 tggagccac acagaccagc aacttgttga atgccagttt tgaccacaga agaataatcg720
 5 agacctgatg ttggattga ggtacctgta cttcttgggg tgttgacagc agcgggtgtt780
 ggtgggtttt cagaggaa 798

10 (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 118:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 1068 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

15 (C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
 hergestellte partielle cDNA

20

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

25

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

30

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 118

ccccctctctg tgactcagtc tctgagcgtt ttaatacagat ggtgtccccg cgggatcaaa 60
 35 cttcagcgtc acagctgagg actggtctcg tggccctga tgggagagca tgaacaggtg 120
 gtatgtgaag cccttggaga ccagctcttc caaagtcaaa gccaagacca ttgtgatgat 180
 tcccgaactcc cagaagctcc tgcgatgtga acttgagtca ctcaagagcc agttacaggc 240
 ccagaccaag gctttcagat tctgaacca ctcagtgacc atgttggaga aggagagctg 300
 cttgcagcaa atcaagattc agcagcttga agagtgctg agccccacag gccgccaggg 360
 40 agagaaggag gaggacaagt ggggcatgga gcagggccgg caggagctgt atggggccct 420
 gacccaaggc cttcaggggc tggagaagac cctgcgtgac agtgaggaga tgcagcgggc 480
 ccgcaccact cgtgcctgc agctgctggc ccaggagatc cgggacagca agaagttcct 540
 gtgggaggag ctggaactgg tgcgggagga ggtgacctc atctatcaga agctccaagc 600
 gcaggaggat gagatctcag agaacttggg gaacattcag aaaatgcaga aaacgcagg 660
 45 gaaatgccgc aaaatcctga ccaagatgaa gcagcagggt catgagacag ccgcctgtcc 720
 ggagactgaa gagataccgc aggagccagt ggctgctgga aggatgacct ccagaaggaa 780
 ctgagtata tatggtctgc tgtgcacgtg ctgcagaact ccatagacag cctcactttg 840
 tgctcggggg cctgtcccaa ggctcagac ctaagaggcc acaaggggca ccagtgcctg 900
 agccctccac tcccctcctg ggactctgac tccgactctg accaggacct ctcccagcca 960
 50 cctttcagca agagcgcgcc ccccttccca cccgcttgag cagccgggac tgctctccct 1020
 gaagaccct ccagagagaa aataaactag ccagaccct cctctaaa 1068

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 119:

55

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 4584 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

5 (ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

10 (iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH
(C) ORGAN:

15 (vii) SONSTIGE HERKUNFT:
(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 119

20
ctcgagccgc tctgagccgc gaagtaattc aagatcaaga gtaattacca acttaattgtt 60
tttgcattgg actttgagtt aagattatct tttaaatcct gaggactagc attaatgtac 120
agctgaccca ggtgctacac agaagtggat tcagtgaatc taggaagaca gcagcagaca 180
ggattccagg aaccagtgtt tgatgaagct agggcttggg gcaagagggc aagcagcagt 240
25 tgggtggtgaa gataggaaaa gagtccagga gccagtgcga tttggtgaag gaagctagga 300
agaaggaagg agcgctaacg atttgggtgg gaaaagagga attgggagtg gtaggatgaa 360
acaatttggg gaagatagaa gtttgaagtg gaaaactgga agacagaagt acgggaaggc 420
gaagaaaaga atagagaaga tagggaaatt agaagataaa aacatacttt tagaagaaaa 480
aagataaatt taaacctgaa aagtaggaag cagaagaaaa aagacaagct aggaacaaaa 540
aagctaaagg caaaatgtac aaacttagaa gaaaattgga agatagaaac aagatagaaa 600
30 atgaaaatat tgtcaagagt ttcagataga aaatgaaaa caagctaaga caagtatttg 660
agaagtatag aagatagaaa aatataaagc caaaaattgg ataaaatagc actgaaaaaa 720
tgaggaaatt attggttaac aatttatctt aaaagcccat caatttaatt tctggtggtg 780
cagaagttag aaggtaaaagc ttgagaagat gagggtgttt acgtagacca gaaccaattt 840
35 agaagaatac ttgaagctag aaggggaggt tgggtaaaaa tcacatcaaa aagctactaa 900
aaggactggt gtaattttaa aaaaactaag gcagaaggct tttggaagag ttagaagaat 960
ttggaaggcc ttaaatatag tagcttagtt tgaaaaatgt gaaggacttt cgtaacggaa1020
gtaattcaag atcaagagta attaccaact taatgttttt gcattggact ttgagttaa1080
attatttttt aaatcctgag gactagcatt aattgacagc tgaccagggt gctacacaga1140
40 agtggaattc gtgaatctag gaagacagca gcagacagga ttccaggaaac cagtgtttga1200
tgaagctagg actgaggagc aagcgagcaa gcagcagttc gtggtgaaga taggaaaaga1260
gtccaggagc cagtgcgatt tgggtgaagg agctagggaag aagggaaggag cgtaacgat1320
ttggtggtga agctaggaaa aaggattcca ggaaggagcg agtgcaattt ggtgatgaag1380
gtagcaggcg gcttggtctg gcaaccacac ggaggaggcg agcaggcggt gtgcgtagag1440
45 gatcctagac cagcatgcca gtgtgccaaag gccacagggg aagcgagtgg ttggtaaaaa1500
tccgtgaggt cggcaatatg ttgtttttct ggaacttact tatggtaacc ttttatttat1560
tttctaatat aatgggggag ttctgtactg aggtgtaaag ggatttatat ggggacgtag1620
gccgatttcc ggggtgtgta ggtttctctt ttccaggett atactcatga atcttgtctg1680
aagcttttga gggcagactg ccaagtcctg gagaaatagt agatggcaag ttgtggttt1740
50 tttttttttt acacgaattt gaggaataac aaatgaattt gatagccaaa ttgagacaat1800
ttcagcaaat ctgtaagcag tttgtatggt tagttggggg aatgaagtat ttcagttttg1860
tgaatagatg acctgttttt acttcctcac cctgaattcg ttttgtaaat gtagagtttg1920
gatgtgtaac tgaggcgggg gggagttttc agtatttttt tttgtggggg tgggggcaaa1980
atatgttttc agttcttttt ccttaggtc tgtctagaat cctaaaggca aatgactcaa2040
55 ggtgtaacag aaaacaagaa aatccaatat caggataatc agaccaccac aggtttacag2100
tttatagaaa ctgagcaggt tctcacgttg aggtctgtgg aagagatgtc cattggagaa2160
atggctggta gttactcttt tttcccccac cccctttaat cagactttta aagtgtctaa2220
ccccttaaac ttgttatctt ttacttgaag cattttggga tgggtctaac aggggaagaga2280
gaggggtggg gagaaaatgt ttttttctaa gattttccac agatgctata gtactattga2340

```

5   caaactgggt tagagaagga gtgtaccgct gtgctgttgg cacgaacacc ttcagggact2400
   ggagctgctt ttatccttgg aagagtattc ccagttgaag ctgaaaagta cagcacagtg2460
   cagcttttgg tcatattcag tcatctcagg agaacttcag aagagcttga gtaggccaaa2520
   tgttgaagtt aagttttcca ataattgtgac ttcttaaaag ttttattaaa ggggaggggc2580
   aaatattggc aattagttgg cagtggcctg ttacggttgg gattgggtgg gtgggttttag2640
   gtaattgttt agtttatgat tgcagataaa ctcatgccag agaacttaaa gtcttagaat2700
   ggaaaaagta aagaaatata aacttccaag ttggcaagta actccaatg atttagtttt2760
   tttcccccca gtttgaattg ggaagctggg ggaagttaaa tatgagccac tgggtgtacc2820
   agtgcattaa tttgggcaag gaaagtgtca taatttgata ctgtatctgt tttccttcaa2880
10  agtatagagc ttttggggaa ggaagtattt gaactggggg ttggtctggc ctactgggct2940
   gacattaact acaattatgg gaaatgcaaa agttgtttgg atatggtagt gtgtggttct3000
   cttttggaat ttttttcagg tgattttaata ataatttaaa actactatag aaactgcaga3060
   gcaaagggaag tggcttaatg atcctgaagg gatttcttct gatggtagct tttgtattat3120
   caaacttttt tcagataaca tcttctgagt cataaccagc ctggcagtat gatggcctag3180
15  atgcagagaa aacagctcct tgggtgaattg ataagtaaa gcagaaaaga ttatatgtca3240
   tacctccatt ggggaataag cataaccctg agattcttac tactgatga aacattatct3300
   gcatttgcca aaaaatttta agcaaatgaa agctaccaat ttaaagttaac ggaattctacc3360
   attttaaagt taattgcttg tcaagctata accacaaaaa taatgaattg atgagaaata3420
   caatgaagag gcaatgtcca tctcaaaaata ctgcttttac aaaagcagaa taaaagcgaa3480
20  aagaaatgaa aatgtttacac tacattaatc ctggaataaa agaagccgaa ataaatgaga3540
   gatgagttgg gatcaagtgg attgaggagg ctgtgctgtg tgccaatgtt tcgtttgcct3600
   cagacaggta tctcttcggt atcagaagag ttgcttcatt tcatctggga gcagaaaaca3660
   gcaggcagct gttaacagat aagtttaact tgcattctgca gtattgcatg ttagggataa3720
   gtgcttattt ttaagagctg tggagttctt aaatatcaac catggcactt tctcctgacc3780
25  ccttccctag gggatttcag gattgagaaa tttttccatc gagccttttt aaaattgtag3840
   gacttgttcc tgtgggcttc agtgatggga tagtacactt cactcagagg catttgcatc3900
   tttaataaat tctttaaagg cctctaaagt gatcagtgcc ttgatgccaa ctaaggaaat3960
   ttgtttagca ttgaatctct gaaggctcta tgaaaggaat agcatgatgt gctgttagaa4020
   tcagatgtta ctgctaaaat ttacatgttg tgatgtaaat tgtgtagaaa accattaaat4080
30  cattcaaaat aataaactat ttttattaga gaatgtatac ttttagaaaag ctgtctcctt4140
   attttaaataa aatagtgttt gtctgtagtt cagtggttgg gcaatcttgg gggggattct4200
   tctctaattc ttcagaaact ttgtctgca acactcttta atggaccaga tcaggatttg4260
   agcggaagaa cgaatgtaac tttaaggcag gaaagacaaa ttttattctt cataaagtga4320
   tgagcatata ataattccag gcacatggca atagaggccc tctaaataag gaataaataa4380
35  cctcttagac aggtgggaga ttatgatcag agtaaaagg aattacacat tttatttcca4440
   gaaagtcagg ggtctataaa ttgacagtga ttagagtaat actttttcac atttccaaag4500
   tttgcatgtt aacttttaaat gcttacaatc ttagagtggg aggcaatgtt ttacactatt4560
   gaccttatat aggaaaaaga tgag 4584

```

40

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 120:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

45

- (A) LÄNGE: 982 Basenpaare
- (B) TYP: Nukleinsäure
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

50

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

55

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH
- (C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 120

5
gtggagggga ccctgtggtt agcagcagct atcgagcgt cggatgttca gagcagcaga 60
agccggcgctc gtccgatgtt gtgttgcccg ccaccatgag ctacacaggc tttgtccagg120
gatctgaaac cactttgcag tcgacatact cggataccag cgctcagccc acctgtgatt180
atggatatgg aacttggaac tctgggacaa atagaggcta cgagggtat ggctatggct240
10 atggctatgg ccaggataac accaccaact atgggtatgg tatggccact tcacactctt300
gggaaatgcc tagctctgac acaaatgcaa acactagtgc ctcggttagc gccagtgccg360
attccgtttt atccagaatt aaccagcgct tagatatggt gccgcatttg gagacagaca420
tgatgcaagg aggcgtgtac ggctcaggtg gagaaaggta tgactcttat gagtctgctg480
actcgagggc cgctctgagt gagcgcgacc tgtaccggtc aggctatgac tacagcgagc540
15 ttgaccctga gatggaaatg gcctatgagg gccaatacga tgcctaccgc gaccagtcc600
gcatgcgtgg caacgacacc ttccggtccca gggcacaggc ctgggcccgc gatgcccga660
gcggccggcc aatggccgca ggctatgggc gcatgtggga agaccccatg ggggcccggg720
gccagtgcct gtctgggtgc tctcggttg ccctccctct tctcccagaa catcatcccc780
gagtacggca tgttccaggg gcatgcgagg ttggggcgcc ttcccgggcg gcttcccgtt840
20 ttgggttttcg ggtttgga tggcatgaag cagatgaggc cggactggga agacggggac900
cacagccgat ttgcgaacca agaagaagaa gagaaagcag ggcggcattc tgattgagcc960
agttagcaaa gcagccggaa tt 982

25

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 121:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 742 Basenpaare

30 (B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
hergestellte partielle cDNA

35

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

40

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

45

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 121

50 ctcaacttcg cagcactgcg tgcctcaagc cgacgcagcg gcctactctc gcaactgcaga 60
cggggaaact gaggcccgag gcggccgggg tggggcagac ctcccggcga gcccgagccc120
ccgcccccg ctagcccccgc cctggcccgt aagaagcacc cggggcgca ggcgaaggcg180
cacagcgccg ggccaggctg ggtccagcag cgcgatggca gctcagcggc tgggcaagcg240
cgtgctgagc aagctgcagt ctccatcgcg ggcccgcggg ccagggggca gtcccggggg300
55 gctgcagaag cggcacgcgc gcgtcacgct caagtatgac cggcgggagc tgacgcggcg360
gctggacgtg gagaagtgga tcgacgggcg cctggaggag ctgtaccgcg gcatggaggc420

agacatgccc gatgagatca acattgatga attgttggag ttagagagtg aagaggagag480
 aagccggaaa atccagggac tcctgaagtc atgtgggaaa cctgtcgagg acttcatcca540
 ggagctgctg gcaaagcttc aaggcctcca caggcagccc ggcctccgcc agccaagccc600
 ctcccacgac ggcagcctca gccccctcca ggaccgggcc cggactgctc acccctgacc660
 5 ctcttgcaact ctccctgccc cccggacgcc gccagcttg cttgtgtata agttgtattt720
 aatggttctg taacaataaa aa 742

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 122:

10

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 2330 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRANG: einzel

15

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
 hergestellte partielle cDNA

20

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

25

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

30

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 122

gtttggacaa gttgttttaa taggaaatag acctgcgtgc ttcataagggtt tcctcaacca 60
 cctttcctca gctttcttaa aatgggatct acattggctc ttcacaccca aatagcagac 120
 35 taatcgtttt tctgcttagc accgtctggt tcattgtctt gaactctgcc ttacagcagc 180
 aagaaaattt tcctcgacaa gaacctcaat ctttagttcc attgagctcc ccctctggat 240
 tttgactta ccagaagtag gaggttctga taccattcaa gatgggtctt ccttcaaagc 300
 aggtctgaag aggagactac caaagcagt tttacaaacc cagagtccac acaaccatat 360
 tgcatagaac agcacttgcc tttcacagc ctctacagg acctggtgta attggagtga 420
 40 aagggcagag acctggaag tggaggtggc tgtgtgctgc gatgggaaga aggcagaagg 480
 cccaggggct ttggacatag agcagggtgg aagctgcaag tactgggaag gaagagagtt 540
 tcacagaaac aaagctttgt cacacagaaa tgagttctgt ctactgggtg acttcatccc 600
 tcaggctcca gctgagcaga gattttaate agcttcctta atgggtattg aactgtctca 660
 ggaagcagta gacctgtca gggacagcta ttgatcttt gtgttctgat tagattggaa 720
 45 aatagatcaa cttcattgta gtccaggaaac tgttggtcac agctactagg aatgagggtga 780
 tttctgaggg ctgagaaaaa acacagaatc ttggccagca gccagcagct gcatggtgaa 840
 agatgcattc acttctcctt tgagagttgg ggttgagggc aaacatagaa cccaggtttg 900
 gcttacaacc cagtgtcccg gaagccctcc ttcgggagaa ctgtaagtaa gaggtgggtg 960
 tgtctaaaga caataccatt aatgaatgtt ctggccttac ctaaaaaggt ttagcaattt1020
 50 ggggataact cttggatcta gcttatgtgc gttcacatgc acatttgcta gcccagagct1080
 tttaaaatga ggtctggcat atacttgatt acaaatgaaa actcagaaac caattttatt1140
 tattaaatca tatcttttgt ttttccccc ccttctaat ccccaaaagg acctatttga1200
 gctgttcccc aattcatctg cttatttttg accatgaatc tgccagagtg atattttctg1260
 ttatttctcc tccaaatttt tcctgatgt tccaataaa gatttacttg ggtggccct1320
 55 taaggtgaca tcaggatgct cttatgtcct tcacagaataa gcatacactt cactctctc1380
 cctttcatct cctctgcat tcttaattcc ttgcttttct cacttgagc cgagggtgct1440
 ttagagaggt ggttttccat gaatcagcca agattcctgt agaagttggg tatacctatt1500
 ccagtttcaa agctcctcgg ctatgctaat gtccctcag agatgaggtt tgacttttag1560

```

5  gcccgtatga ctctccata gcctggccaa ggagaccatg agtagccatg tctggtttac1620
   tctttatcct gagactgttt gtttataget taaaacagaa gtgtgtcttc ccagcacaal1680
   cctaataaat cagtgtatca gtgcctctgg tggcaacagc tcagcccatt caaagagcaal1740
   ggattcagga aaggcacact gatggtgggg agcctcttaa gagcctctaa tgttctccca1800
10 aaaccagagt tgagagtcgg agtgccagtc gtcggggccc actattcctg aataagggacl1860
   atgcaagggc cagaagtagc ttgactctcg cctaaatata tgtgcctttg cctgtccttt1920
   ctcccactct actgaaaccc ggaacagatt cccgcttgcc ttctgatgaa gagaggttag1980
   gtaaagagag tttggaggaa aaaagacacc aggaggcagg ctgtggggta ggagagggtt2040
   ctgagaggag gcagcaatcc agaatacctc cttttctagc cagcatccct tgaacttttg2100
15 aaaggttgtg cctaccactg gctggcacac cagggcaatg atttccctgc agaaggaagg2160
   aaagaatgtt ttcacccttg catccttctt gggagaagct accagcctgt tgcttcagtt2220
   tgagtttggt tcacattcag gattttgggg ttttatgggt tttccttctt cctgtgttt2280
   tqccccgaac gttgatcaac aggggtgaaa aagggccacc tgagggtttc 2330

```

15

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 123:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- 20 (A) LÄNGE: 1860 Basenpaare
 (B) TYP: Nukleinsäure
 (C) STRANG: einzel
 (D) TOPOLOGIE: linear

25 (ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
 hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

30 (iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH
 (C) ORGAN:

35

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

- (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 123

```

40  gaggcagttt gagatcacca gcatttccgt ggatgtctgg cacatcctgg aattcgacta 60
   tagcaggctc cccaaacaaa gcatcgggca gttccatgag ggggatgcct atgtgggtcaa 120
   gtggaagtto atggtgagca cggcagtggg aagtcgccag aaggagagac actcgggtgag 180
   ggcagccggc aaagagaagt gcgtctactt cttctggcaa ggcgggcact ccaccgtgag 240
45  tgagaagggc acgtcgggcg tgatgacggt ggagctggac gaggaaaggg gggcccagggt 300
   ccaggttctc cagggaagg agccccctg tttcctgcag tgtttccagg gggggatggt 360
   ggtgcactcg gggaggcggg aagaggaaga agaaaatgtg caaagtgagt ggcggctgta 420
   ctgctgtcgt ggagaggtgc ccgtggaagg gaatttgctg gaagtggcct gtcactgtag 480
   cagectgagg tccagaactt ccatggtggt gcttaacgtc aacaaggccc tcactacct 540
50  gtggcacgga tgcaaagccc agggccacac gaaggaggto ggaaggaccg ctgcgaacaa 600
   gatcaaggaa caatgtcccc tggaagcagg actgcatagt agcagcaaag tcacaataca 660
   cqagtgtgat gaaggctccg agccactcgg attctgggat gccttaggaa ggagagacag 720
   gaaagcctac gattgcatgc ttcaagatcc tggaagtttt aacttcgcgc cccgctgtt 780
   catectcagc agctcctctg gggattttgc agccacagag tttgtgtacc ctgcccagac 840
55  cccctctgtg gtcagttcca tgcccttctt gcaggaagat ctgtacagcg cgcccagacc 900
   agcacttttc cttgttgaca atcaccacga ggtgtacctc tggcaaggct ggtggcccat 960
   cgagaacaag atcactggtt ccgcccgcac ccgctgggcc tccgaccgga agagtgcgat1020
   ggagactgtg ctccagtact gcaaaggaaa aaatctcaag aaaccagccc ccaagtctta1080

```


5 ccttatccac gctggtcttg agccctgac attcaccaat atgtttccca gctgggagca1140
cagagaggac atcgctgaga tcacagagat ggacacggaa gtttccaatc agatcacct1200
cgtggaagac gtcttagcca agctctgtaa aaccatttac ccgctggccg acctcctggc1260
caggccactc ccggaggggt cgatcctctg aagcttgaga tctatctcac cgacgaagac1320
10 ttcgagtttg cactagacat gacgagggat gaatacaacg ccctgcccg cgtggaagcag1380
gtgaacctga agaaagcaaa aggcctgttc tgagtgggga gacgccagag gagcctcacg1440
gtcacgtcca acaacaccac tgcaccagg aaatggatat atatttttgg actggtgttt1500
ttcacaaagt atttttcaat cagagtttcc agaacctgac attgttaaa atactgcttg1560
tcccgaggt gtgtattttg taaatgttca agggaactgt ttggaaactt ctttccacca1620
15 ttcaggaggt tatcagaatt aataaaagta tctgttatgt gcacttaagc cgcagctgct1680
atagatagca ctgccttctt gttccagcta ggcaatgcct tttttttttt tttgaagcag1740
ttctctttat aaagtgttat ttgatagtt tgtggattct aaaataccat ataagtcaaa1800
tatggattta acaaagcaat atgtattcoat tcactttcga gatttggggg gttgtttttt1860

15

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 124:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- 20 (A) LÄNGE: 807 Basenpaare
(B) TYP: Nukleinsäure
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

25 (ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

30

(vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH
(C) ORGAN:

35 (vii) SONSTIGE HERKUNFT:

- (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 124

40 cctttctca tctctattaa attgtaaaca ggactactgc atgtactctc tttgaggtga 60
atttggaaatg gaaggccagg gactatactc tttttaaaat agacatttgt ggggctcaca120
caatatatga aatagtagcc tctaaaaaag agaaaaaaa aatcaggcgg tcaaacttag180
agcaacattg tcttattaaa gcatagttaa tttcactaga aaaaatttaa tatcaaggac240
tattacatac ttcattacta ggaagtctct tttaaaatga cacttaaaac aatcactgaa300
45 aacttgatcc acatcacacc ctgtttatct tctttaaaca tcttggaaag ctaagcttct360
gagaatcatg tggcaagtgt gatgggcagt aaaataccag agaagatgt tagtagcaat420
taaaggctgt ttgcaccttt aaggaccagc tgggctgtag tgattcctgg ggccagagt480
gcattatgtt ttacaaaaat aatgacatat gtcacatgtt tgcatgtttg tttgcttgtt540
gaatttttga acagccagtt gaccaatcat agaaagtatt actttcttct atatggtttt600
50 tggttcactg gcttaagagg tttctcagaa tatctatggc cacagcagca taccagttt660
ccatcctaag agggaatgga aattaatttt gtaacctact gattaacaga atctgggggt720
cacattggaa aaaaattctt ttatccgtct tttaaggata tgtttaaata ttattttatg780
tgtcggcata ttgcggacag tctgaga 807

55

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 125:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 1932 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRANG: einzel

5 (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
hergestellte partielle cDNA

10 (iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

15 (A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

20 (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 125

```
ccgggggtttt gggtcggaac tgcagcgctt agagagctcg gtggaagctg cttaaaggcgg 60
aggcgggggct ctggcgagtt ctcttccac ctccccccac cttctctgc caaccgctgt 120
25 ttcagccctt agctggattc cagccattgc tgcagctgct ccacagccct ttccaggacc 180
caaacaaccg cagccgctgt tcccaggatg gtgatccgtg tatatattgc atcttctct 240
ggctctacag cgattaagaa gaaacaacaa gatgtgcttg gtttcctaga agccaacaaa 300
ataggatttg aagaaaaaga tattgcagcc aatgaagaga atcggaagtg gatgagagaa 360
aatgtacctg aaaatagtcg accagccaca ggtaacccc tgcacctca gattttcaat 420
30 gaaagccagt atcgcgggga ctatgatgcc ttctttgaag ccagagaaaa taatgcagtg 480
tatgccttct taggcttgac agccccacct ggttcaaaag aagcagaagt gcaagcaaa 540
cagcaagcat gaaccttaag cactgtgctt taagcatcct gaaaaatgag tctccattgc 600
ttttataaaa tagcagaatt agctttgctt caaaagaaat aggccttaatg ttgaaataat 660
agattagtgg ggttttcaca tgcaaacatt caaaatgaat acaaaattaa aatttgaaca 720
35 ttatggatgat tatggtagg agaattggat attaacataa aattatatta ataagtagat 780
atcgtagaaa tagtggtgtt acctgccaaag ccacctgta tacaccaatg attttcaaaa 840
gaaaacaccc ttccctcctt ctgccattac tatggcaact taagtgtatc tgcagctcta 900
cattaaaaag gagaaagaga aataacctgt ctctcattcc taagttgcct cattaatttt 960
catgaacaag aatatgtacc tttttgatgc tatattactg cgattaaaaa gttcttgcag 1020
40 gtaattgttta tgatatgtta aacgttgtaa tttcttatcg taattataac attccattc 1080
ttttgtagat gaaacttcta catattgaac cacagatttt ctgagcttct aaatgtagcc 1140
tttcattgca catttcagtg atcagaatag atatcctttt acacgcacaa aagcaataga 1200
ttcattcagt ggacaagttc cttgtttaac tacacagcta tgatggaatg atatatccaa 1260
gttccttgcc tcagtgaat atgcatatgt atatcatgaa agtgggatgc caagtaagct 1320
45 taaaatggca ttctctagca aagagattag acttttaaat aactcttata aaacagggtg 1380
gogatcattt cccaagattg gtttcccttg agtttttgct aaaacaaatc ttagtagttt 1440
tgcccgttta aaacaactca caatcgtaa tgctactatt cctaagatat cttacctttt 1500
tatttcagtt tagccatgta ttgtatgagt gtattagtct aagcagtgag aatcttttct 1560
atgcctctat tccagcaaaa agtagaagta tcaaaataaaa agggcaactt ttaaaatatt 1620
50 aagcctgaag acttctaaaa agacaagaaa catggcctaa ataaccaaca tagatttaca 1680
tagtaagttt cacactacct tattaccaaa agcaaacacc tcttacttta aactacatta 1740
tcattgtatat ctattgtatg ctggtcttta ctttttgcca aaatcaacat ataatgaaga 1800
gatgcctttg tttcatgaga ttcaaaactg atgctatgct ttaaaataaa ctcagtactt 1860
ttagaaacat aaaaaaaa aaaaaaaggc gacccccga gtagtggggc cgcgcccggg 1920
55 gatttttccg gg 1932
```

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 126:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 3024 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 126

25 atatatgtta agacattccc ttgctaatta tttctttctc tgttggtcta tttttttggt 60
ccagtttgct gtttttaaaag ttttgagtc cagctgggtcc tgtacattta actgaaaaaa 120
aagtaactta aaataatata aaaatagcac tcatgtatgt cctacagtta taggtgaaat 180
ttgatattgt ttgtcttaca tagcatacct atagacagct taagtaaagt gactgttaaag 240
agggttatgc ttattgatga actcttgtag ttgtttacca gctctgtag tatagttaa 300
ttgatctcag tagcttcaag tatttataaa atggttgaag tccaaatata tgtgataatt 360
30 acaatacact ttgaattaat ggggggtggg aggctagttg aaatgcattt tatttacc 420
aggagtatgt taaaatgata gttataaatg ttggaagttt aaagcaagat actcagttta 480
gttctttaca aatcataaga agaacaaaat tagatgttga cattgctatt ttaggctgtg 540
tgttttccat atgcttcttg ctttccctgt cacagggtgg ggcagcaata ttgggtgtg 600
tgaggttatg ctggcaccac tcgcacacag gcgcacaatg gtgtagctg ggcagaaa 660
35 gtggcatctc tggctaccgg gctggggggc acctttacca taggatgaag taaccttgca 720
ttcggctgca aggtgtactg tacgtacaca ggtgctggtc gatgtccact ttctgctttt 780
ctttctttct tttttctttt tttaaagtaa ttccccccac agtaaaatc actgactcct 840
gagtaaatg attttccagt tttatggaat tgggagctg acaagtga acaattta 900
gtaaagtatt tggctttcaa atggtttctc tgtgctattt ttggaattc tttagaat 960
40 cagagatata ttacgtctt gattcaattt aaaatttgta cttattttct tttagaaata 1020
atgtattgtg tctgtgcaga aaaaaaaaa ccaaaaagga ttgctttact ccaagaggag 1080
agattgtctt aggataaacc tccaagctca catttaatat aacagactga agtaaacatt 1140
agaatcctgt ttagagctat tctgcacagt taactactga tctttagaat ctaaaattgt 1200
atatgaactt attcttaaat aattgaacog ttttatattc aaatgactta tgatcggtg 1260
45 tagtttgagg aaaaataagat ggttaaat tttgattattg aaatgtaatt gtattatttt 1320
cataaaatag cattttcatt ttgtaatgtg gtttaacatc cttgttggtt gccaaagaaa 1380
tttcatttgg ctgtgaatat tctatttgc tgcagtatct gtttctcttc ctaggctca 1440
gttggtgacc caagcctatt gtaacaagt gattatctca aaggagatg ccaatggagt 1500
aacaatttgt taaccttacg ttttctgtct gtatattttt ttaaaaatct ggtagtct 1560
50 ggaaaaaaa gagaaggggg tttgtagtac ttaacctat ttatttccgt atattttagt 1620
taattagttt ttggaataaa tggatttcag tatagctttg tggtaaat gcattgcctt 1680
tattttatgt ttaggcttat ttttaaat acatttaaca gaaacattg aaatagaatt 1740
tgcatgtctg ccttaattaa cttaaagact gattttaatc tgactatgac actgagcata 1800
ttctttaaat tactcataat ttataatgct taatataatc ttaattaaat ttagcagtt 1860
55 tagtataaga tgtgccattt tgtcctctgt atgtctgaat gaagctataa catttgctt 1920
tttattgcag gttttctttt ggaatatgga taaatacacc atgatacgga aactagaagg 1980
acatcaccat gatgtggtag cttgtgactt ttctcctgat ggagcattac tggctactgc 2040
atcttatgat actcgagtat atatctggga tccacataat ggagacattc tgatggaatt 2100

```

tgggcacctg tttcccccac ctactccaat atttgcctga ggagcaaagt accggtgggt2160
acgatctgta tcttttagcc atgatggact gcatgttgca agccttgctg atgataaaat2220
ggtagaggttc tggagaattg atgaggatta tccagtgcga gttgcacctt tgagcaatgg2280
tctttgctgt gccttctcta ctgatggcag tgttttagct gctgggacac atgacggaag2340
5 tgtgtatttt tggggccactc cacggcaggt ccctagcctg caacatttat gtcgcatgtc2400
aatccgaaga gtgatgcccc cccaagaagt tcaggagctg ccgattcctt ccaagctttt2460
ggagtttctc tcgtatcgta tttagaagat tctgccttcc ctagttagtag ggactgacag2520
aatacactta acacaaacct caagctttac tgacttcaat tatctgtttt taaagacgta2580
gaagatttat ttaatttgat atgttcttgt actgcatttt gatcagttga gcttttaaaa2640
10 tattatttat agacaataga agtatttctg aacatatcaa atataaattt ttttaaaagt2700
ctaactgtga aaacatacat acctgtacat atttagatat aagctgctat atgttgaatg2760
gacccttttg cttttctgat ttttagttct gacatgtata tattgcttca gttaggccac2820
aatatgtatc tttgctgtaa agtgcaagga aattttaaat tctgggacac tgagttagat2880
ggtaataact gacttacgaa agttgaattg ggtgaggcgg gcaaatcacc tgaggtcagc2940
15 agtttgagac tagcctggca aacatgatga aaccctgtct ctactaaaaa tacaaaagaa3000
aaaaaaaaaa aactcgaaac tact 3024

```

20 (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 127:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 505 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

25 (C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
hergestellte partielle cDNA

30

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

35 (vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

40 (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 127

```

ctgcacgggc gcagatgtag gcaccggctc gactgcctgc cctctgtccc cgcggctggg 60
45 tctcgtctgc tccggttcc tggctcctaa ttcttggctc agcttcttcc aggtctgcgc120
gtctgttgtt cccagcgctc tgcgaagctg aaaaggagga gcaacctgtc cagaatcccc180
gcaggacagg aaaaggagg gaaatctcga catggaaaaa ctctacagtg aaaatgaagg240
aatggcttca aaccaaggaa agatggaaaa tgaagaacag ccacaagacg agagaaagcc300
agaagttaact tgtactctgg aagacaagaa gttagaaaaa gagggaaaga cagaaaacaa360
50 gggcaaaaca ggagatgagg aaatgttaaa ggataaagga aagccagaga gtgaggggaga420
ggcaaaaaga ggaaagtcag agagggagg agagtccagag atggaggagg tcgagagaga480
gggaacccga ggtaggggaa gcgga 505

```

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 128:

55

(A) LÄNGE: 115 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 128:

15 PPLLRLFFFY LRKFISTSTA EIRKWYRFGQ IILYEMDPHT TSFLIQARYN IIPGFSKSSQ 60
HGYLCYSVLA FIAASSFERRA FFSKFKLVKV SCLWAAFLPS ITMKMHPTTV RAIIR 115

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 129

(A) LÄNGE: 82 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 129

35 VRDGAPGLSC GFVQNPFFILF KSELLVSLRD EETSLSHNLK QLPAARRRPL RLPMATCYSA60
DQRRTPSGTV ALVSSMSPSV GV 82

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 131:

(A) LÄNGE: 53 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 131:

GIITLSLLMI IHPQMEEFIR QPLQFRLKTG AHRTQGTIKE DQEPFFLSK NWP

53

5 (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 132:

(A) LÄNGE: 52 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

10 (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

15

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

20

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 132:

LFILRWRSLS VSHFSFVLKQ EPTGPKELLR RTRNLGFFFQ KIGPSPINEG KN

52

25 (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 133:

(A) LÄNGE: 41 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

30 (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

35

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

40

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 133:

KKKPRFLVLL NSSLGPVGSC FKTKLKWLTQ KLLHLRMNNH Q

41

45

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 134:

(A) LÄNGE: 107 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

50 (C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

5 (A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 134:

10 ADPAFSTDLF QGCTDMAAAF RKAAKSRQRE HRERSSDYRK KQEYLKALRK KALEKNPDEF 60
YYKMTRVKLQ GGVHIIKETK EEVTPEQLKL MRTSGRQIYR KGRGCRS 107

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 135:

15

(A) LÄNGE: 63 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

20

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

25

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

30 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 135:

RIRRSPLIFS KAVQTWRRLF GRRLSPGSGN TESEAVTTVK NKNTSKLFGR RLLKKIQMNS60
TTK 63

35 (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 136:

(A) LÄNGE: 87 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

40

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

45

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

50

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 136:

LFWGYFFLSL LNNMYSTLEF NPSHEVVEFI WIFFKSLLPK SFEVFLFFTV VTASLSVFPL60
PGLSRLPKSR RHVCTALEKI SGERRIR 87

55

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 137:

- 5 (A) LÄNGE: 95 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

10 (iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

15 (A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 137:

20 EANNYMSCQG GSRFHSFSIL PQYPGINAAT GGQSLFVLLP TPSLFCLFNS VKLFC LGPGK60
EPKENL SGQV HFWNAENILK ARFLEYSQLA FFPLI 95

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 138:

- 25 (A) LÄNGE: 77 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

30 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

35 (vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 138:

40 NSSASSPQFW PNSRLAVFTW YPGVGLTLI SMMFSKMKLD KVDHQLHRVF CKSIVSKWPR60
DLRKIQIFCL PWSCFKS 77

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 139:

- 45 (A) LÄNGE: 133 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

50 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

5

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 139:

DLKQDQGKQK ICIFLKSLGH LLTILLQKTR CSWWSTLSSF ILENIEIKV SNPTPGYQVK 60
TASLLLGQNC GLLAELFYGL QSKWSYLTHH MTKVLNLVRG KVLNIQFWIQ EIIIVNFFPK120
10 SMERMLVENI LKI 133

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 143:

15

(A) LÄNGE: 783 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

20

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

25

(vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 143:

30 FLLQPSAFHL YEPPLDYTMT WRMGPRFTML LAMWLVCSE PHPHATIRGS HGGRKVPLVS 60
PDSSRPARFL RHTGRSRGIE RSTLEENLQ PLQRRRSVPV LRLARPTPEP ARSDINGAAV120
RPEQRPAARG SPREMIRDEG SSARSMLRF PSGSSSPNIL ASFAGKNRVW VISAPHASEG180
YYRLMMSLLK DDVYCELAER HIQQIVLFHQ AGEEGGKVR ITSEGIQILEQ PLDPSLIPKL240
MSFLKLEKKG FGMVLLKKTQ QVEERYYPVP RLEAMYVID QGPRIIRIEKI RQKGFVQKCK300
35 ASGVEGQVVA EGNDGGGGAG RPSLGSEKKK EDPRRAQVPP TRESRVKVL KLAATAPALP360
QPPSTPRATT LPPAPATTVT RSTSRVAVTA ARPMTTTFAP TTQRPWTPSP SHRPPTTTEV420
ITARRPSVSE NLYPPSRKDQ HRERPQTRR PSKATSLESF TNAPPTTISE PSTRAAGPGR480
FRDNRMDRRE HGHRDPNVVP GPPKPAKEKP PKKKAQDKIL SNEYEEKYDL SRPTASQLED540
ELQVGNVPLK KAKESKKHEK LEKPEKEKKK KMKENADKL LKSEKQMKKS EKKSQKEKEK600
40 SKKKKGKTE QDGYQKPTNK HFTQSPKKS ADLLGSFEGK RRLLLITAPK AENNMVYVQR660
DEYLESFCKM ATRKISVITI FGPVNNSTMK IDHFQLDNEK PMRVVDDDEL VDQRLISELR720
KEYGMTYNDF FMVLTVDVLR VKQYVEVPIT MKSVFDLIDT FQSRIKDMEN QKRGVFFEGG780
KTP 783

45

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 144:

50

(A) LÄNGE: 87 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

55

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

5

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 144:

KMVVGWVWFL RWERMCENLF QGNGFAAEVR MCSCIDLQTP RRWVHTACLG VPRDSRPPTY60
LSEARAAGHG PSAKPVCDAL GALVQEA 87

10

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 145:

(A) LÄNGE: 97 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

15

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

20

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

25

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 145:

SFSSLGVRNT LFITFKFALY FFSSMLVLWT FGDVSVRAGE RGVRRPSHRW SWPPPALSSL60
PDHRFPICPS ENLSQGELKE TGQGTSTFIYF IMLANRT 97

30

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 146:

(A) LÄNGE: 87 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

35

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

40

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

45

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 146:

ASCTKAPRAS HTGLAEGPWP AARASDKYVG GLESLGTPKH AVCTHLLGVC RSIQEHILTS60
AANFPWKRF SHILSHLKKT HTPPTIF 87

50

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 147:

- (A) LÄNGE: 119 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

5

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

10

- (vi) HERKUNFT:
- (A) ORGANISMUS: MENSCH

15

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 147:

NSKDKCFSLA FITTPETERW RCCASEPRLL ALKHQGHRTQ AWQRGHGQRH ELQTSMLEVS 60
NPLAPPSMQC APTFWVSADR YRNTSLPLQR THFPGKDFHT SSPTSKKPTH PQPFFKAPR 119

20 (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 148:

- (A) LÄNGE: 87 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

25

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

30

- (vi) HERKUNFT:
- (A) ORGANISMUS: MENSCH

35

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 148:

STKGIAHRLG RGAMASGTSF RQVCWRSRIP WHPQACSVHP PSGCLQIDTG THPYLCSEPI60
SLEKIFTHPL PPQKNPHTHN HFLKPHG 87

40

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 149:

- (A) LÄNGE: 69 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

45

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

50 (iii) HYPOTHETISCH: ja

- (vi) HERKUNFT:
- (A) ORGANISMUS: MENSCH

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 149:

5 DPPSHSQLGR CCHRMVFESV GARAHFWLSQ QLGWHLPSA RNSNIMNARD SVLSKVFPK60
 GAGHGCSRL 69

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 150:

- 10 (A) LÄNGE: 68 Aminosäuren
 (B) TYP: Protein
 (C) STRANG: einzel
 (D) TOPOLOGIE: linear

15 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

 (iii) HYPOTHETISCH: ja

- 20 (vi) HERKUNFT:
 (A) ORGANISMUS: MENSCH

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 150:

25 SAHLGLPKCW DYRREHPCPA PFGWKTLLST LSLAFIMLLF LALGSKCHPS CCDNQKCALA60
 PTLSENTIR 68

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 151:

- 30 (A) LÄNGE: 57 Aminosäuren
 (B) TYP: Protein
 (C) STRANG: einzel
 (D) TOPOLOGIE: linear

35 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

 (iii) HYPOTHETISCH: ja

- 40 (vi) HERKUNFT:
 (A) ORGANISMUS: MENSCH

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 151:

45 HHTQPIFVFL VATGFHHVGQ AGLEPLTSGD PPTLASQSAG ITGVSTRALP LLDGRLY 57

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 152:

- 50 (A) LÄNGE: 57 Aminosäuren
 (B) TYP: Protein
 (C) STRANG: einzel
 (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

5

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

10

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 152:

SAGIPKLAPK IPLPFSDLLK CYLISGAFFD HTLKTSTPTH GPCPPSRLHF LAYTYQM 57

15 (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 153:

(A) LÄNGE: 32 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

20

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

25

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

30

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 153:

LKTLTLTVASI RVSTFYSSDP TSFNLLLLLIY GG 32

35 (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 154:

(A) LÄNGE: 32 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

40

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

45

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

50

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 154:

TKRAVMKSMH LCAIRAFLVP HSELIDSDYI HF 32

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 155:

- 5 (A) LÄNGE: 31 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

10 (iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

15 : (A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 155:

20 GRVRAVKGRH SDRSHSQQCF QSVNTDEVPT T

31

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 156:

- 25 (A) LÄNGE: 52 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

30 (iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

35 : (A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 156:

40 VQNVMSACNF IFIKAKLIYM EYCSIYYAPI YILSPVVRYF ISLLLNIFYT YL

52

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 157:

- 45 (A) LÄNGE: 59 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

50 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

5 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 157:

TGTFCCFFICC IENSHTQFSI LCQCSHHGWT LGRNSPQPFL VSFSQFFSVS RWAPVINLP 59

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 158:

10

(A) LÄNGE: 38 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

15

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

20

(vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

25 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 158:

LSLPCWPNG FFQWCLLEEV FSSGQFKEIK LGNGEGGR

38

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 159:

30

(A) LÄNGE: 33 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

35

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

40

(vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

45 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 159:

GSILDMMQEI SSWSQKFPRG AVFLRNGVYL NNS

33

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 160:

50

(A) LÄNGE: 44 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

5

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

10

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 160:

KKLPGQHGHK LNYYLNLKLF LKIQHLLGTF DSRKRFPASY PKCF

44

15 (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 161:

(A) LÄNGE: 225 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

20

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

25

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

30

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 161:

AAGGLGLGVG PRGMWRAGSM SAELGVGCAL RAVNERVQQA VARRPRDLPA IQPRLVAVSK 60
TKPADMVIEA YGHGQRTFGE NYVQELLEKA SNPKILSLCP EIKWHFIGHL QKQNVNKLMA120
35 VPNLFMLETV DSVKLADKVN SSWQRKGSPE RLKVMVQINT SGEESKHGLP PSETTIAIVEH180
INAKCPNLEF VGLMTIGSFG HDLSQGNPD FQLLSLPEE TVVKS 225

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 162:

40

(A) LÄNGE: 99 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

45

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

50

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 162:

CRGPGARRRS PGDVESWQHV GRAGSRVRIA GGERARAAGC GAAAAGSPSH PAPASGGQQN60
QTCRHGDRGL WTAAAHFWRE LRSGTARKSI KSQNSVEVS 99

5 (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 163:

- (A) LÄNGE: 120 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
10 (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja
15

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH
20

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 163:

LRSCPCLPMV ISPTNSRLGH LAFMCSTMAM VSEGGRPCLL SSPLVLIWTI TFNLSGEPFL 60
CQELFTLSAN FTESTVSSMK RLGTAINLLT FCFCRWPMKC HLISGHKDRI LGFDAFSSSS120
25

25 (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 164:

- (A) LÄNGE: 75 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
30 (C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja
35

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH
40

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 164:

TSTGPSSPLV ASAATELA AF AAFSSACMR PEGSASLFWN RLPLLMFGDL QGCEAREGIA60
MRILQASFSG LSSKG 75
45

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 165:

- (A) LÄNGE: 90 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
50 (C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

5 (vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 165:

10

NTHGDALTCL TPLQVPKHEE GKAIPKQGR TFRHTCRACK GSGKSCQFSC SRGYQGAGGT60
SAGLALYLHT RTAASRGTS SPVGSVAPQQ 90

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 166:

15

(A) LÄNGE: 77 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

20

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

25

(vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

30 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 166:

SHPFEDSPEK EACKIRMAMP SRASHPCRSP NMRRGRRFQN REAEPGRIH AELKAAAKAA60
SSVAAEATRG LEGPVLV 77

35 (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 167:

(A) LÄNGE: 347 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

40

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

45

(vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

50

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 167:

TAFPLPVVVA AVLWGAAPTR GLIRATSDHN ASMDFADLPA LFGATLSQEG LQGFLVEAHP 60
DNACSPIAPP PPAPVNGSVF IALLRRFDCN FDLKVLNAQK AGYGAAVVHN VNSNELLNMV120

WNSEEIQQQI WIPSVFIGER SSEYLRLFLV YEKGARVLLV PDNTFPLGYY LIPFTGIVGL180
LVLAMGAVMI ARCIQHRKRL QRNRLTKEQL KQIPTHDYQK GDQYDVCAIC LDEYEDGDKL240
RVLPCAHAHYH SRCVDPWLTQ TRKTCPIKQ PVHRGPGDED QEEETQGQEE GDEGEPRDHP300
ASERTPLLGS SPTLPTSFGS LAPAPLVFPG PSTDPPLSPP SSPVILV 347

5

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 168:

(A) LÄNGE: 588 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

10

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

15

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

20

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 168:

25 QVTNMSDKSE LKAELERKKQ RLAQIREKK RKEEERKKKE TDQKEAVAP VQESDLEKK 60
RREAALLQS MGLTPESPIV PPPMSPSSKS VSTPSEAGSQ DSGDGAVGSR RGPIKLGMAK120
ITQVDFPPRE IVTYTKETQT PVMAQPKED EEDDDVVPK PPIEPEEEK LKKDEENDSK180
APHELTEEE KQQILHSEEF LSFFDHSTRI VERALSEQIN IFFDYSGRDL EDKEGEIQAG240
AKLSLNRQFF DERWSKHRV SCLDWSSQYP ELLVASYN NN EDAPHEPDGV ALVWNMKYKK300
30 TTPEYVFHCQ SAVMSATFAK FHPNLVVG GT YSGQIVLWDN RSNKRTPVQR TPLSAAATH360
PVYCVNVVGT QNAHNLSIS TDGKICSWSL DMLSHPDQSM ELVHKQSKAV AVTSMSPVVG420
DVNNFVVGSE EGSVYTACRH GSKAGISEMF EGHQGPITGI HCHAAGAVD FSHLFTSSSF480
DWTVKLWTTK NNKPLYSFED NADYVYDVMW SPTHLPALFAC VDGMRDLWLW NLNNDTEVPT540
ASISVEGNPA LNRVRWTHSG RGGGCGGILK DKFCYFAMLG GAVCWSPQ 588

35 (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 169:

(A) LÄNGE: 41 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

40

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

45

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

50

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 169:

FHVEQLSHSF LSWRKDTIQR GSKDFVKRGI HNLLWSKCPH L

41

55 (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 170:

- (A) LÄNGE: 55 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

5

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

10

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

15

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 170:

CPRDVGTC SI VNYGCHVLQN PYCPFELCPS SKIRSYDSIV QHGIIMKSL S SSIFP

55

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 171:

20

- (A) LÄNGE: 50 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

25

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

30

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

35

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 171:

KAFLVLSPFK WALFLVIHMT LFGCGCLLNF LFWTFSKPK PARDRKGNGN

50

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 172:

40

- (A) LÄNGE: 60 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

45

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

50

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 172:

CTFNIESFIY LIVYRTFHNY THLLHNILTS IFKFFCTSSF SENLVKPVH TNVYCELS60

5

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 173:

(A) LÄNGE: 67 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

10

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

15

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

20

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 173:

EESFVFLIHS FVNRYKGTNV LTYTKKKKIL VYPLMLIHRV LSYNVIQLGS LTFFPKNIFI60
EKGITLS 67

25

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 174:

(A) LÄNGE: 56 Aminosäuren

30

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

35

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

40

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 174:

LYHIIRKHSV DQHKWVHKNF FFLGVCKHIC SFISVYKTVN QKDKTFFLVF VIFFLN 56

45

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 181:

(A) LÄNGE: 289 Aminosäuren

50

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

5 (vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 181:

10 SRRTQGAAST RFPQPDITIGQ DFSASAQRGG LVAHSDLDER AIEALKEFNE DGALAVLQQF 60
KSDLSHVQN KSAFLCGVMK TYRQREKQGT KVADSSKGPD EAKIKALLER TGYTLDVTTG120
QRKYGGPPPD SVYSGQQPSV GTEIFVGKIP RDLFEDELVP LFEKAGPIWD LRLMMDPLTG180
15 LNRYGAFVTF CTKEAAQEA V KLYNNHEIRS GKHIGVCISV ANNRLFVSGI PKSKTKEQIL240
EEFSKVTEGL TDVILYHQPD DKKKNRGFCF LEYEDHKTA QARRRLIEW 289

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 182:

20 (A) LÄNGE: 39 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

25 (iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:
30 (A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 182:

35 KLCTEWLKV GGIWRWMRGSC LGRLCFTWIR VGLREEIGV 39

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 183:

40 (A) LÄNGE: 42 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

45 (iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:
50 (A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 183:

EAVMTLILIL HTYFLTQPY S NPSEAKPSQT APSHPSPYPP NL

42

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 184:

- 5 (A) LÄNGE: 60 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

- 10 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF
(iii) HYPOTHETISCH: ja

- 15 (vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 184:

20 PSFSFYTPIS SRNPTLIQVK QSLPRQLPLI HLHIPPTFNH SVHNFYSLHT SYLLIFLTNK60

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 188:

- 25 (A) LÄNGE: 46 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

- 30 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF
(iii) HYPOTHETISCH: ja

- 35 (vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 188:

40 RSRFHMMTL RALQLSLPTK IGGACFRVSR LSPTEKKKKK MSLEEA

46

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 189:

- 45 (A) LÄNGE: 65 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

- 50 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF
(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 189:

ITFSDAHAQ GASIIPPHKD RWRVFQGLSS LSYRKEEKN VIRRGVTRQS VPRFVFPGVA60
ERDQF 65

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 190:

(A) LÄNGE: 66 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 190:

ECREAGPLFL QSRLELISFG HSRKHKPGDG LTCYASSNDI FFFFFSVGER RETLKHAPPI60
FVGRDN 66

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 191:

(A) LÄNGE: 48 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 191:

RQTEGETEML RKPSYTTLP R NTSLRECKKY YWRWKS RKA MGRPRGD 48

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 192:

(A) LÄNGE: 60 Aminosäuren

20. Ein Antikörper, der gegen ein Polypeptid oder ein Fragment gerichtet ist, welches von den Nukleinsäuren der Sequenzen Seq. ID No 1-127, 391-403 kodiert wird, das gemäß Anspruch 19 erhältlich ist.
- 5 21. Ein Antikörper gemäß Anspruch 20, dadurch gekennzeichnet, daß er monoklonal ist.
22. Ein Antikörper gemäß Anspruch 20 dadurch gekennzeichnet, daß er ein Phage-Display-Antikörper ist.
- 10 23. Polypeptid-Teilsequenzen, gemäß den Sequenzen Seq. ID No 128-390, 404-431.
24. Polypeptid-Teilsequenzen gemäß Anspruch 23, mit mindestens 80%iger Homologie zu diesen Sequenzen.
- 15 25. Ein aus einem Phage-Display hervorgegangenen Polypeptid, welches an die Polypeptid-Teilsequenzen gemäß Anspruch 23 binden kann.
- 20 26. Polypeptid-Teilsequenzen gemäß Anspruch 23, mit mindestens 90%iger Homologie zu diesen Sequenzen.
- 25 27. Verwendung der Polypeptid-Teilsequenzen gemäß den Sequenzen Seq. ID No 128-390, 404-431, als Tools zum Auffinden von Wirkstoffen gegen den Blasentumor.
- 30 28. Verwendung der Nukleinsäure-Sequenzen gemäß den Sequenzen Seq. ID No 1-127, 391-403 zur Expression von Polypeptiden, die als Tools zum Auffinden von Wirkstoffen gegen den Blasentumor verwendet werden können.
- 35 29. Verwendung der Nukleinsäure-Sequenzen Seq. ID No 1-127, 391-403 in sense oder antisense Form.
- 40 30. Verwendung der Polypeptid-Teilsequenzen Seq. ID No 128-390, 404-431 als Arzneimittel in der Gentherapie zur Behandlung des Blasentumors.
31. Verwendung der Polypeptid-Teilsequenzen Seq. ID No 128-390, 404-431, zur Herstellung eines Arzneimittels zur Behandlung gegen den Blasentumor.
- 45 32. Arzneimittel, enthaltend mindestens eine Polypeptid-Teilsequenz Seq. ID No 128-390, 404-431.
- 50 33. Eine Nukleinsäure-Sequenz gemäß den Ansprüchen 1 bis 10, dadurch gekennzeichnet, daß es eine genomische Sequenz ist.

9. Eine Nukleinsäure-Sequenz gemäß den Ansprüchen 1 bis 7, dadurch gekennzeichnet, daß die Größe des Fragments eine Länge von mindestens 50 bis 4000 bp aufweist.
- 5 10. Eine Nukleinsäure-Sequenz gemäß einem der Ansprüche 1 bis 9, die mindestens eine Teilsequenz eines biologisch aktiven Polypeptids kodiert.
- 10 11. Eine Expressionskassette, umfassend ein Nukleinsäure-Fragment oder eine Sequenz gemäß einem der Ansprüche 1 bis 9, zusammen mit mindestens einer Kontroll- oder regulatorischen Sequenz.
- 15 12. Eine Expressionskassette, umfassend ein Nukleinsäure-Fragment oder eine Sequenz gemäß Anspruch 11, worin die Kontroll- oder regulatorische Sequenz ein geeigneter Promotor ist.
- 20 13. Eine Expressionskassette gemäß einem der Ansprüche 11 und 12, dadurch gekennzeichnet, daß die auf der Kassette befindlichen DNA-Sequenzen ein Fusionsprotein kodieren, das ein bekanntes Protein und ein biologisch aktives Polypeptid-Fragment umfaßt.
- 25 14. Verwendung der Nukleinsäure-Sequenzen gemäß den Ansprüchen 1 bis 10 zur Herstellung von Vollängen-Genen.
- 30 15. Ein DNA-Fragment, umfassend ein Gen, das aus der Verwendung gemäß Anspruch 14 erhältlich ist.
- 35 16. Wirtszelle, enthaltend als heterologen Teil ihrer exprimierbaren genetischen Information ein Nukleinsäure-Fragment gemäß einem der Ansprüche 1 bis 10.
- 40 17. Wirtszelle gemäß Anspruch 16, dadurch gekennzeichnet, daß es ein prokaryontisches oder eukaryontische Zellsystem ist.
- 45 18. Wirtszelle gemäß einem der Ansprüche 16 oder 17, dadurch gekennzeichnet, daß das prokaryontische Zellsystem *E. coli* und das eukaryontische Zellsystem ein tierisches, humanes oder Hefe-Zellsystem ist.
- 50 19. Ein Verfahren zur Herstellung eines Polypeptids oder eines Fragments, dadurch gekennzeichnet, daß die Wirtszellen gemäß den Ansprüchen 16 bis 18 kultiviert werden.

Patentansprüche

1. Eine Nukleinsäure-Sequenz, die ein Genprodukt oder ein Teil davon kodiert,
umfassend
5
a) eine Nukleinsäure-Sequenz, ausgewählt aus der Gruppe Seq. ID No 21, 24-27, 29-40, 43, 44, 46-48, 50-63, 65, 67, 69, 72, 73, 75, 77-80, 82, 83, 85-86, 88, 90, 92-127, 391-403.
10
b) eine allelische Variation der unter a) genannten Nukleinsäure-Sequenzen
oder
15
c) eine Nukleinsäure-Sequenz, die komplementär zu den unter a) oder b) genannten Nukleinsäure-Sequenzen ist.
20
2. Eine Nukleinsäure-Sequenz gemäß einer der Sequenzen Seq. ID No 1-127, 391-403, oder eine komplementäre oder allelische Variante davon.
3. Nukleinsäure-Sequenz Seq. ID No 1-127, 391-403, dadurch gekennzeichnet, daß
25 sie in Blasennormalgewebe erhöht exprimiert sind.
4. BAC, PAC und Cosmid-Klone, enthaltend funktionelle Gene und ihre chromosomale Lokalisation, entsprechend den Sequenzen Seq. ID No 1-127, 391-403, zur
30 Verwendung als Vehikel zum Gentransfer.
5. Eine Nukleinsäure-Sequenz gemäß den Ansprüchen 1 bis 4, dadurch gekennzeichnet, daß sie eine 90% ige Homologie zu einer humanen Nukleinsäure-Sequenz aufweist.
35
6. Eine Nukleinsäure-Sequenz gemäß den Ansprüchen 1 bis 4, dadurch gekennzeichnet, daß sie eine 95% ige Homologie zu einer humanen Nukleinsäure-Sequenz aufweist.
40
7. Eine Nukleinsäure-Sequenz, umfassend einen Teil der in den Ansprüchen 1 bis 6 genannten Nukleinsäure-Sequenzen, in solch einer ausreichenden Größe, daß sie
45 mit den Sequenzen gemäß den Ansprüchen 1 bis 6 hybridisieren.
8. Eine Nukleinsäure-Sequenz gemäß den Ansprüchen 1 bis 7, dadurch gekennzeichnet, daß die Größe des Fragments eine Länge von mindestens 50 bis
50 4500 bp aufweist.

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

5 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 431:

10 LCPFWWAIPM HVFGYGDTPS PQSHCAIVSK KCIIISLFIC LITNEFIPDA FIQITGIFLN 60
WTSIFIPEVC ANGGCHVDGG NEAKHTSNYK CCSKTVIHSG IQTARPGCYG DRGLVL 116

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

5

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

10 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 429:

15 RHAGGGALGN LPPQPPGSGV MHPETCPSTF LASPLPHSIA PGLFLLDFVL VLALFLIFFY 60
YESPGRRGDS GSWPGPGROV ALEMKGKLCR GAELSLCFSE FPLLLPLHTP VAGRNLGFPE120
SLGVPPFLPH PGGTPRAPGL FLLLSFWAV 150

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 430:

20 (A) LÄNGE: 285 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

25 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

30 (vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

35 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 430:

40 SWRTGGWAYA GDRLNKTSV SVASWASSLN ARMDNRFATA FVIACVLSLI STIYMAASIG 60
TDFWYEYRSP VQENSSDLNK SIWDEFISDE ADEKTYNDAL FRYNGTVGLW RRCITIPKNM120
HWYSPPERTE SFDVVTKCVS FTLTEQFMEK FVDPGNHNSG IDLLRXYLWR CQFLLPFVSL180
GLMCFGALIG LCACICRSY PTIATGILHL LAGLCTLGSV SCYVAGIELL HQKLELPDNDV240
SGEFGWSFCL ACVSAPLQFM ASALFIWAAH TNRKEYTLMK AYRVA 285

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 431:

45

(A) LÄNGE: 116 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

50

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

55

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 427:

- 5 (A) LÄNGE: 96 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

10 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

- 15 (vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 427:

20 EKYEELRRKK KKKKRTNNLN CLLQNVGHFM LREEFQGMAM ECTSMWADFQ QTLFPLFKEL60
VDYCHSLHNP VGSSDPYKLE NIIFCLLMIQ LMPYSS 96

25 (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 428:

- (A) LÄNGE: 151 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
30 (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

- 35 (vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

40 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 428:

45 RKKGETEREL SASTQTLSHL QGHLPSWPRP APTVTSASRR FIIKKNQKQS QNQNKIQKEK 60
TWGNGMRKRG GEEGRAGLW MHNSRARGLG RKIPQRPAC VALARHVVFQ GRLPIHPVEI120
LVAGLLGGVK PVSDRQAGKG LGDGGCGRER V 151

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 429:

- 50 (A) LÄNGE: 150 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
55 (D) TOPOLOGIE: linear

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 424:

5 ENWASRYFQS SFTEQKVWVG HWLEGDSPTL TVTIWAATGG IVQLASRCIP HLKYCWIKAI 60
YTLAKSKAKE IALDPESQQD HLIFPNQHLG QQLPSTFLFH SWFFFFFFLQ DLAVTQDGVQ120
WHDHGS LQP 129

10 (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 425:

- (A) LÄNGE: 122 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
15 (C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

20 (iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

25 :

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 425:

30 EAQKWDCIWT KNYKKVQSLV SRMQALALGD GSSLENPAAD SLFQRRSFER RVCYISFETV 60
TLWRLKDLV SCFLKITGIW RPKPFWTDI SSKYFFIKVF EGDDFLDLWL DILGFDPYIV120
LS 122

35 (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 426:

- (A) LÄNGE: 105 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
40 (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

45

(vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

50 :

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 426:

55 RFKKSPQRQN HNMSRRNKKL LDIPGSFLYD SGLQVKFLSL SSEEFELIPA KYFNLFITAS 60
SPIFFLGKGM LGLGPKLLAG GGAMCHSITD GCKCFTEQGS GLQQL 105

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

5

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

10

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 422:

15 FFLYSFSSDN HDFSSEKTIY LAFVSGGELA ISLLKPAIIV NLRTGLSWGSG EGKELFEQMC60
VGGTGFHPTA KLVLEISFY NTKISLCQRF 90

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 423:

- 20 (A) LÄNGE: 81 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

25 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

30 (vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 423:

35

TPSGSSWRTY LSRRNSKGER TGPPLIPMTL PPGPLPTTCG NSQKINSSCN FSGDIAQTHI60
TGDAHFFSIR DSQSEETPCV A 81

40

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 424:

- 45 (A) LÄNGE: 129 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

50 (iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

5 (A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 420:

10 IRPVVQLTAI EILAWGLRNM KNFQMASITS PSLVVECGGE RVESVVIKNL KKTENFPSSV 60
LFMKVFLPKE ELYMPPLVIK VIDHRQFGRK PVVGQCTIER LDRFRCDPYA GKEDIVPQLK120
ASLLSAPPCR DIVIEMEDTK PLLASKLTEK EEEIVDWWSK FDASSGEHEK CGQYIQKGY5180
KLKIYNCELE NVAEFEG LTD FSDTFKLYRG KSDENEDPSV VGEFKGSFRI YPLPDDPSVP240
15 APPRQFREL P DSVPOQECTVR IYIVRGLELQ PQDNNGLCDP YIKITLGKKV IEDRDHYIPN300
TLNPVFGRMV ELSCYLPQEK DLKISVYDYD TFTRDEKVGE TIIDLENRFL SRFGSHCGIP360
EEYCVSGVNT WRDQLRPTQL LQNVARFKGF PQPILSEDGS RIRYGGRDYS LDEFANKIL420
HQHLGAPEER LALHILRTQG LVPEHVETRT LHSTFQPNIS QGKLQMWVDV FPKSLGPPGP480
PFNITPRKAK KYLRVLIWN TKDVILDEKS ITGEEMSDIY VKGWIPGNEE NKQKTDVHYR540
20 SLDGEGNFW RFVFPFDYLP AEQLCIVAKK EHFWSIDQTE FRIPPRLIQ IWDNDKFSLD600
DYLGFLELDL RHTIIPAKSP EKCRDLMIPD LKAMNPLKAK TASLFEQKSM KGWWPCYAEK660
D GARVMAGKV EMTLEILNEK EADERPAGKG RDEPNMNPCL DLPNRPETSF LWFTNPCKTM720
KFIVWRRFKW VIIGLLELLI LLLFVAVLLY SLPNYLSMKI VKPNV 765

25 (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 421:

(A) LÄNGE: 289 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

30 (C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

35 (iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

40 (A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 421:

45 ETQVVIQRKL VIVPYLNDQP GWDSKFRVLN TPEMLFFRND TELFGWKVVK RENKSPVKIP 60
FTIQRSVMDI CFLFVFFIAR NPAFDVDVTH FLSCDAFLVQ DNVLGVPDDH TQVVFLGFGP120
CDVERRAWWP QTLGENIHPH LKFSLGNVGL EGAVQSPCFH VLRDQPLSPE DVKSKPLFRG180
PEVLVQDFVG FKFIQAVVSS SISDSTPIFG KDGLWEAFES GDILKQLCWS QLISPGIDSR240
NTVLLWYAAV GPKAGKESVF QINNCFSYFF IPGKGVIID RNFQVFFLR 289

50

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 422:

(A) LÄNGE: 90 Aminosäuren

55 (B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

- (A) LÄNGE: 121 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

5

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

10

- (vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

15

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 418:

20 YPFFTLQQRN RVFDISSYVK EMLQNVNCFK LKLPLKRPRY IYLIVYIMFN ICQSILQVCS 60
FISIKYGYV AQLLKWYCIY YICTPNNIVC TFCFLYCICA GFFRLYQCNL CLLRYVQKMS120
I 121

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 419:

25

- (A) LÄNGE: 114 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

30

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

35

- (vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

40

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 419:

45 FFFFFFFFS FQRIHFFFFFF FFFFFFFGKNVI YLHCFHSSTV VLGLNISITL LFPIYILLEY 60
YYKYNIQFKK TYGETQLMFF SPLYRLLSII RLQWKFIWTF SVHILKGRDY TDKA 114

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 420:

50

- (A) LÄNGE: 765 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

55

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 415:

5 YAKSTATSHG NLTLTPTWNA ISLALSKHKQ KLYRNRITCS DIAKSFKHST YYTGMLCSSH 60
SVTNFTSFGC FSFHLVLTSK EYAEYKKSPH SFITSFWTFF LVH 103

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 416:

10

- (A) LÄNGE: 144 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

15

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

20

- (vi) HERKUNFT:
- (A) ORGANISMUS: MENSCH

:

25

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 416:

YTMXIIYFTR XILYXQGGIL KYNTPGXSEL LYIMIVSFHI SWXLXXGKGT XKSIFIYIKT 60
KXXQXRLXPP KCLVSLENNM NEXXKMNQIT WXTHRRXNKK AQEIKSCFKL GHIKGGKGSE120
30 RRVKISSQA TKNLXRRQPP NXIR 144

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 417:

35

- (A) LÄNGE: 74 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

40

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

45

- (vi) HERKUNFT:
- (A) ORGANISMUS: MENSCH

:

50

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 417:

LILMGRLIYN XNYLFYKXDS IHXGRHLEVQ YTRXFISLH YDCEFPYKLX TXHXKGNXKI60
HFYIHKNTX PXET 74

55

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 418:

(vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

5 :

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 413:

10 EEGDYTCFAE NQVGKDEMRV RVKVV TAPAT IRNKTYLAVQ VPYGDVVTVA CEAKGEPMPK 60
VTWLSPTNKV IPTSSEKYQI YQDGTLLIQK AQRSDSGNYT CLVRNSAGED RKTWVIHVNV120
QPPKINGNPN PITTVREIAA GGSRLIECK AEGIPTPRVL WAFPEGVVL PYYGNRITV180
HNGSLDIRS LRKSDSVQLV CMARNEGGEA RLILQLTVLE PMEKPIFHDP ISEKITAMAG240
15 PQHSASTALP RGPRHPAWCG SFPMAPICRV DSSCSASTTR LTACYTLAVS PRWTLGPTAA300
WPAMPLATRR GWSP 314

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 414:

20 (A) LÄNGE: 109 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

25 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

30 (vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 414:

35

RPVPAKLNPR SWPRTAGALP LRPPPLTMAV FHDEVEIEDF QYDEDSETYF YPCPCGDNFS 60
ITKEDLENCE DVATCPSCSL IIKVIYDKDQ FVCGETVPAP SANKELVKC 109

40

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 415:

45 (A) LÄNGE: 103 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

50 (iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

55 :

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

5

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

10

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 411:

RDQGGGSLRS FRLWTGRHD AVQGNMADAE VIILPKKHKK KKERKSLPEE DVAEIQAEE 60
FFIKPESKVA KLDTSQWPLL LKNFDKLNVR TTHYTPLACG SNPLKREIGD YIRTGFIND120
15 KPSNPSSHEV VAWIRRLRV EKTGHSGLD PKVTGCLIVC IERATRLVKS QQSAGKEYVG180
IVRLHNAIEG GTQLSRALET LTGALFQRPP LIAAVKRQLR VRTIYESKMI EYDPERRLGI240
FWVSCEAGTY IRTLCVHSDQ SRARGTSDAG ASEGSFWSHE 280

20 (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 412:

(A) LÄNGE: 360 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

25

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

30

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

35

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 412:

RHPHPEGVMG FSRGCGSASS ILWKPDHCPW QRFPGHQEFE EERLRPAGMH GTQRGRGGQV 60
40 DPAAHCPGAH GETHLPRPDQ REDHGHGGAT TFSLNCSAAG TPTPSLVWVL PNGTDLQSGQ120
QLQRFYHKAD GMLHISGLSS VDAGAYRCVA RNAAGHTERL VSLKVGLKPE ANKQYHNLS180
IINGETLKLK CTPPGAGQGR FSWTLPNGMH LEGPQTLGRV SLLDNGTLTV REASVFDRGT240
YVCRMETEYG PSVTSIPVIV IAYPPRITSE PTPVIYTRPG NTVKLNCMAM GIPKADITWE300
45 LPDKSHLKAG VQARLYGNRF LHPQGSLLTIQ HATQRDAGFY KCMANKILGS DSKTTYIHVF360

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 413:

(A) LÄNGE: 314 Aminosäuren

50

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

55

(iii) HYPOTHETISCH: ja

- 5 (A) LÄNGE: 95 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

10 (iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

15 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 409:

20 KGVGLLIMGG QGQVLGHRER VRRMLQTPAH CPRSPLEPAPA SDGAALIPCL SSLQIYEGAY60
HVLHKELPEV TNSVFHEINM WVSQRTATAG TASPP 95

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 410:

- 25 (A) LÄNGE: 296 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

30 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF
(iii) HYPOTHETISCH: ja

35 (vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

40 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 410:

45 VVRLAPTFGH YVCTVISHAH EVRQMQLRR VRSGVMSEKD HVMTMHDVLD AQWLYDNHKD 60
ESYLRRVVYP LEKLLTSHKR LVMKDSAVNA ICGAKIMLP GVLRYEDGIE VNQEIVVITT120
KGEAICMAIA LMTTAVISTC DHGIVAKIKR VIMERDTPR KWGLGPKASQ KKLMIKQGLL180
DKHGKPTDST PATWKQEYVD YSESAKKEVV AEVVKAPQVV AEAATKAGS EESESESDT240
PPAAPQLIKK EKKKSKKDKK AKAGLESGAE PGDGDSDTTK KKKKKKKAKE VELVSE 296

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 411:

- 50 (A) LÄNGE: 280 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

55

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 386:

5

RGPGHLLKPN GGPPMKLGYG RNLDISPRLP LNRETVKRSI RFHRFWPLIP NSFPHNSVFL60
VSMKCLESHR KPVKIFLKKK KPQKTDHLSI QWTSI 95

10 (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 407:

- (A) LÄNGE: 55 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
15 (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

20

- (vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

25

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 407:

30

YLSLCPCWPG NFFQWCLEEE VFSSCHFKKI KLEIEYGWHD CTLLVLLFFY SSVPL 55

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 408:

- (A) LÄNGE: 127 Aminosäuren
35 (B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

40

(iii) HYPOTHETISCH: ja

- (vi) HERKUNFT:
45 (A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 408:

50

LQEAPCGEHG RHLHKSAMRR DTESELHHQR QVQGAETVGS GQGSAAFS GP SPYARGPGPD 60
LPLLGGQHLS IRRWFKCVTM SQCVLELPFS NANLPSLHIS PHPWTRFCVS ESGNLLKRGG120
STPGLLV 127

55

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 409:

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 404:

10 RPRAGASIST LAGLSLKEGE DQKEIKIEPA QAVDEVEPLP EDYYTRPVNL TEVTTLQORL 60
LQPDFQPVCA SQLYPRHKHL LIKRSLRCRK CEHNLSKPEF NPTSIKFKIQ LVAVNYIPEV120
RIMSIPNLRY MKESQVLLTL TNPVENLTHV TLFECEEGDP DDINSTAKVV VPPKELVLAG180
KDAAAEYDEL AEPQDFQDDP DIIAFRKANK VGIFIKVTPQ REEGEVTVCF KMKHDFKNLA240
15 APIRPIEESD QGTEVIWLTQ HVELSLGPLL P 271

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 405:

20 (A) LÄNGE: 133 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

25 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

30 (vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 405:

35 DLKQDQGKQK ICIFLKSGLH LLTILLQKTR CSWWSTLSSF ILENIEIKV SNPTPGYQVK 60
TASLLLGQNC GLLAELFYGL QSKWSYLTHH MTKVLNLVRG KVLNIQFWIQ EIIIVNFPFK120
SMERMLVENI LKI 133

40

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 406:

45 (A) LÄNGE: 95 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

50 (iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

55 (A) ORGANISMUS: MENSCH

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 403:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 1216 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 403

```
25 TCTGTTCTGT GGACAACTGT TACTGTTCTT CCGTGGCCAA CCATGGCGGC CACCAGCCCT 60
ACCCCGGCTC CGGCCACTTT CCCTGGACAG TGCCCTCGCA GGAGTACTCA CACCCGCTCC 120
CGCCACACACC CTCCGTCCCC CAGTCCCTTC CCAGCCTGGC GGTCAGAGAC TGGCTTGACG 180
CCTCCAGCA GCCCGGCCAC CAGGATTTCT ACAGGGTGTA TGGGCAGCCG TCCACCAAAC 240
30 ACTACGTGAC GAGCTAACGC CACGCAGGCG GCGGGGCGCT GGGGAATCTT CCTCCCCAGC 300
CCCCGGGCTC GGGAGTTATG CATCCAGAGA CCTGCCCTTC TACCTTCCTC GCCTCCCCCTC 360
TTCCTCATTC CATTGCCCCA GGTCTTTTCC TTTTGGATTT TGTTTTGGTT TTGGCTTTGT 420
TTTTGATTTT TTTTATTAT GAATCTCCTG GACGCAGAGG TGACAGTGGG AGCTGGCCTG 480
GGCCAGGACG GCAGGTGGCC CTGGAGATGG GAAAGTGTCT GTGTCGAGGC GCTGAGCTCT 540
35 CTCTCTGTTT CTCCTTTTTT CCTCTACTCC TTCCCCTTCA CACCCCGTG GCTGGAAGGA 600
ACCTCGGCTT CCCTGAAAGC TTGGGGGTCC CACCCTTCTT ACCCCACCCG GGAGGAACGC 660
CCAGGGCCCC GGGCTTGTTT CTCCTCTTGT TTTCTTTTG GGCAGTTTGA TCACTGATCG 720
AGTAAGGAAT GACCTTAGA TTGTGCGACT TTTGTTTTTG TTTTTTTAAA TTTTTTTAAA 780
CCAAGAATGA TTTCTCTGC TTCCTTCTCC TCACCATCTT CCCAGACGGA GTTCAAAGGC 840
40 CACTTCTCAA GCAGCTTTTG GCACCTTCAG CCTCAGAGTG GAATCTTTTA AAGACAGGAC 900
CCCTATGTCC AGGAAAGGGG AAAAGGAACT TTGCCAATGA TAGTGACCAC AGCAAAAGCA 960
ATAAATAAT AAAATAAAAA ACAATAGCAC AGCCCTTGTT GAGGTCAGCA GGGAGGAGGG1020
GCTGCCCGGA GTTGGGTCTT TGCCTGGATT TTGACACAGC AACTTCCTGT AGTGAGCACT1080
TTGTATGAAT CGTGGACTTC CTGTTCTCAA GGCGCAGGTA TTTATTCTGT ATCTGTCTAG1140
45 AGCACACACC AAAATCCAAC CTTCTAATAA ACATGATGGC GCAGTCCCAA AAAAAAGAAA1200
CAGAAGAAGA AAAGGG 1216
```

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 404:

(A) LÄNGE: 271 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 402:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 1876 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 402

```
25 CTCTTGGATC CCCTGGACCA CTGGGCATAC TCGCCATCCT CTTCCGGAGA TCTGGGCAGT 60
   TCGCCTGCAT TAGAGCTCCT GATTGAGATT CAGTGCATCA GCCGTGCTAT CCATCACGTC 120
   CACACCTCTG TGCCCACTCT TGAAGCTGTT GGGAAATATT CAGCAATGTC CGCATCAACT 180
   TGCAGAAGAA TATAAATGAC ATTTCAAGGA TAGAAGATAC CTGATTTTTT TTCCTTTTAA 240
30 TTTTCTTGGT GCCAATTTC A GTTCCAAGT TGCTAATACA GCAACAATTT ATGAATTGAA 300
   TTATCTTGGT TGAAAATAAA AAGATCACTT TCTCAGTTTT CATAAGTATT ATGTCTCTTC 360
   TGAGCTATTT CATCTATTTT TGGCAGTCTG AATTTTAAAA ACCCATTTAA ATTTTTTTCC 420
   TTACCTTTTT ATTTGCATGT GGATCAACCA TCGCTTTATT GGCTGAGATA TGAACATATT 480
   GTTGAAAGGT AATTTGAGAG AAATATGAAG AACTGAGGAG GAAAAAAAAA AAAAAGAAAA 540
35 GAACCAACAA CCTCAACTGC CTACTCCAAA ATGTTGGTCA TTTTATGTTA AGGGAAGAAT 600
   TCCAGGGTAT GGCCATGGAG TGTACAAGTA TGTGGGCAGA TTTTCAGCAA ACTCTTTTCC 660
   CACTGTTTAA GGAGTTAGTG GATTACTGCC ATTCACCTCA TAATCCAGTA GGATCCAGTG 720
   ATCCTTACAA GTTAGAAAAC ATAATCTTCT GCCTTCTCAT GATCCAATA ATGCCTTACT 780
   CTTCTTGAAA TTTTAACCTA TGATATTTTC TGTGCCTGAA TATTTGTAT GTAGATAACA 840
40 AGACCTCAGT GCCTTCCTGT TTTTCACATT TTCCTTTTCA AATAGGGTCT AACTCAGCAA 900
   CTCGCTTTAG GTCAGCAGCC TCCCTGAAGA CCAAATTAG AATATCCATG ACCTAGTTTT 960
   CCATGCGTGT TTCTGACTCT GAGCTACAGA GTCTGGTGAA GCTCACTTCT GGGCTTCATC1020
   TGGCAACATC TTTATCCGTA GTGGGTATGG TTGACACTAG CCCAATGAAA TGAATTAAG1080
   TGGACCAATA GGGCTGAGCT CTCTGTGGGC TGGCAGTCCT GGAAGCCAGC TTTCCCTGCC1140
45 TCTCATCAAC TGAATGAGGT CAGCATGTCT ATTCAGCTTC GTTTATTTTC AAGAATAATC1200
   ACGCTTTCCT GAATCCAAAC TAATCCATCA CCGGGGTGGT TTAGTGGCTC AACATTGTGT1260
   TCCCATTTCA GCTGATCAGT GGGCCTCCAA GGAGGGGCTG TAAATGGAG GCCATTGTGT1320
   GAGCCTATCA GAGTTGCTGC AAACCTGACC CCTGCTCAGT AAAGCACTTG CAACCGTCTG1380
   TTATGCTGTG ACACATGGCC CCTCCCCCTG CCAGGAGCTT TGGACCTAAT CCAAGCATCC1440
50 CTTTGCCCAG AAAGAAGATG GGGGAGGAGG CAGTAATAAA AAGATTGAAG TATTTTGCTG1500
   GAATAAGTTC AAATCTTCT GAACTCAAAC TGAGGAATTT CACCTGTAAA CCTGAGTCGT1560
   ACAGAAAGCT GCCTGGTATA TCCAAAAGCT TTTTATTCCT CCTGCTCATA TTGTGATTCT1620
   GCCTTTGGGG ACTTTTCTTA AACCTTCAGT TATGATTTTT TTTTCATACA CTTATTGGAA1680
   CTCTGCTTGA TTTTGGCCTC TTCCAGTCTT CCTGACACTT TAATTACCAA CCTGTTACCT1740
55 ACTTTGACTT TTTGCAATTA AAACAGGACA CGGGGCAGGG AGAAAAGGGT TTAGTTTTTT1800
   AAACCCGGTG GTTACCATAA CGCGGGAAAA GGTGGCCCAT ACGGGGCAAA CGTTTTTGAA1860
   AGGTTAAGGG TATTTT
```

TTGAATAGGC AAACCCAAAT CCATGCAAGT GTTTTAAAGC ACTGTCCTGT CTTAATCTTA 360
CATGCTGAAA GTCTTCATGG TGATATGCAC TATATTCAGT ATACGTATGT TTTCCACTT 420
CTCTTGTA AAA ACTGTTGCAT GATCCAACTT CAGCAATGAA TTGTGCCTAG TGGAGAACCT 480
CTATAGATCT TAAAAAATGA ATTATTCTTT AGCAGTGTAT TACTCACATG GGTGCAATCT 540
5 TTAGCCCCAG GGAGGTCAAT AATGTCTTTT AAAGCCAGAA GTCACATTTT ACCAATATGC 600
ATTTATCATA ATTGGTGCTT AGGCTGTATA TTCAAGCCTG TTGTCTTAAC ATTTTGTATA 660
AAAAAGAACA ACAGAAATTA TCTGTCATTT GAGAAGTGGC TTGACAAATCA TTTGAGCTTT 720
GAAGCAGTCA CTGTGGTGTA ATATGAATGC TGTCTTAGTG GTCATAGTAC CAAGGGCAGC 780
TGTCTCCCCCT TGGTATAACT GATTTCCCTT TTAGTCCCTCT ACTGCTAAAT AAGTTAATTT 840
10 TGCATTTTGC AGAAAGAAAC ATTGATTGCT AAATCTTTTT GCTGCTGTGT TTTGGTGT 900
TCATGTTTAC TTGTTTTATA TTGACTGTTT TAAGTATGAG AGGCTTATAG TGCCCTCCAT 960
TGTAATCCA TAGTCATCTT TTTAAGCTTA TTGTGTTTAA GAAAGTAGCT ATGTGTTAAA 1020
CAGAGGTGAT GGCAGCCCTT CCCTAGCACA CTGGTGGAAG AGACCCCTTA AGAACCTGAC 1080
CCCAGTGAAT GAAGCTGATG CACAGGGAGC ACCAAAGGAC CTTCTTTAAG TGATAATTGT 1140
15 CCTGGCCTCT CAGCCATGAC CGTTATGAGG AAATATCCCC CATTGCAACT TAACAGATGC 1200
CTCCTCTCCA AAGAGAATTA AAATCGTAGC TTGTACAGAT CAAGAGAATA TACTGGGCAG 1260
AATGAAGTAT GTTTGTTTAT TTTCTTTTAA AAATAAAGGA TTTTGGAACCT CTGGAGAGTA 1320
AGATATAGTA TAGAGTTTGC CTCAACACAT GTGAGGGCCA AATAACCTGC TAGCTAGGCA 1380
GTAATAAATCT CTGTTACAGA AGAGAAAAAG GGCCGGGCAC AGTGGCTTAT TCCTGTAAT 1440
20 CCAACACTGT GGAAGGCCGA GGCAGGAGGA TCACTTGAGT CCAGGAGTTT GAAACCTACC 1500
TAGGCAACAT GGTGAAACCT TGTCTCTACC AAAATAAAAA TTAGCTGGGC ATGGTGGCAC 1560
GTGCTGTGG TCCCAGCTAC TTGGGAGGCT GAGGTGGGAG CCTGGGAGGT CAAGGCTGCA 1620
GTGAGCCATG ATCATGCCAC TGCACTCCAT CCTGGGTGAC AGCAAGATCT TGTAAAAAA 1680
AAAAAAAAAA AAACCAGGAG TGA AAAAGGA AAGTAGAAGG CAGCTGCTGG CCTAGATGTT 1740
25 TTAGCTTTGC CAAAGTGTAG ATAGCCTTTA TCCAGCAGTA TTTTAAGTGG GGAATGCAAC 1860
GTGAGGCCAA CTGAACAATT CCCCCGTGG CTGCCAGAT AGTCACAGTC AAGGTTGGAG 1920
AGTCTCCTTC CAGCCAGTGA CCTACCCAAA CCTTTTGTTT TGTAAACTG CTCTGGAAT 1980
ACCGGGAAGC CCAGTTTTCT CACGTGGTTT CTAGCTTCTT CAGACTCAGC CCAATTAGG 2040
30 AAGTGCAGAA GCACATGATG GTGAAAAACC TAGGATTGG CAGCCTTCCA GAATGGTATG 2100
GAATCTGAGG GAAGATTTAT GTTTCGTTTT GGAGGATAGC TCAAGTTGAA TTTTCTTTCC 2160
AGCCAGTTAC CCTTCAACC TACCCATACT TTGTACAACCT CTTACACAAA TACTTAGATA 2220
TTTATTAGAT AGCCCTGAAT TCACTCTAAT TATAAACAGG GAGTGTAAC TGCCCCAGA 2280
TGTTCTCTGG CTGGGTAAAA GCAGCTGGAG TGAAGCACTC ATTTCCATA AAGGTAACAA 2340
35 AGGGCAGCTC AGTGGTTACT CAAGCTCAAA AGGGTTTTTT TAAGAGCAAG CATTGGTTAA 2400
GTCTGTGTAT ACTGAGTTGG AAGTGATTTT AGCACATTCT TTTTGTAGTG AGTGAAAGTT 2460
CTGAAGCCCC CTTTAACTT CCTCTTGGT TTTTATTATA ATTTGGTAGC ATCTCATGAA 2520
CTGTCTCTGA CTGTGTCTC TTTGTGGTCA TGTATTGTG AGCTTGCTTT CTGACTTGCA 2580
TTTCTGACTT TATCTGTGTT TTAGGAAGAT AGAACTAGG TTTTGAAAGA TTACATGATT 2640
40 CAAGCGAGGG ATTTTAAAGT AAAGATGTAT TTATTCTGAA GAATCTAAAA GATAACAGAT 2700
TATTTGCTTA TGAAAGAACA ATATAGTCTG GGAATCCCAG AATGTCAAGC CAAAGGTCTA 2760
AGAAGTCATC TCCTTCAAAT ACTTTAATAA AGAAGTATTT CGAGGAGATA TCTGTCCAAA 2820
AAGGTTTGAC TGGCCTCCAG ATTCAGTTA TTTTAAAAA GCAACTTACC ACTAAATCCT 2880
TGAGTCTCCA TAGAGTAACA GTAAAGAAAC TGATGTAACA GACTCTCCTC TCAAAGGATC 2940
45 TCCTCTGGAA GAGACTATCA GCGGCAGGAT TCTCCAGGGA AGACCCATCC CCTAGTGCCA 3000
GAGCTTGCACT CCTGGAGACT AAAGATTGCA CTTTTTTGTA GTTTTTTGTC CAAATGCAAT 3060
CCCATTTCTG TGCCCTCTAG CATGCAGTTA GATTTGGACA AACAAGATTC CTAAGGAATG 3120
ACTTTATTAA CTATAATATG GTTACAGCTA TTATATAAAT ATATATTCTG GTTATAGTTT 3180
TAATATGGAG ATGTTGTGTG CAATGCTGGC CTGTGGTGGT CTGTGTAATG CTTTAACTTG 3240
50 TATGGAGGAG GCCAGGCTCA GAGCTGAGAT TGTGCTGAA CCTTCCCTGT ATCGATCCTT 3300
TAATTTAGAA CTGTCAAGAT GTCACTTTCT CCCCCTCTGC CTTTGTAGTG TATCTGACAT 3360
ATACTCAAAA CAGTAATTTT CTGGTCACAT CATTAACTGC TAATCTGTA TTTATAAGA 3420
ATTTTCAGAT GGACATGTAC AAATTTGAAC TCAAACCATC CCCAGTCCAG ATACAGGGCA 3480
GCGTGTAGGT GACCACACCA GAGCCTCAGC CTCGGTCCCT CTCAGCCGTC GGGATAGGAT 3540
55 CCAGGCATTT CTTTTAAATC TCAGAGGTAG CAGTAACTT TTCAGTATTG CTGTTAGCAA 3600
GTGTGTGTTT GCCAATAGAT ACCCATTATA CTAATGTGCC AAGTAAATGT TCATTGCACA 3660
TCTGCTTCCA CTGTGTTCCC ACGGGTGCCA TGAAGTGTGT GAGGAGCCCC TCATCTGGAG 3720
GGATGAGTGC TGCGTTGACT ACTGCTATCA GGATTGTGTT GTGTGGAATA TTCATCTACA 3780
TAAATTTTAT ATGCACAGTA ATTTCCCTTT TTATATGTCA AGTAACTATT TGTAAAGTT 3840
60 ATACTCACAA ATTATTATAA TGATTACTAA TATATTTTTT CCATGTTTCA TTGCTGAAT 3900
AAAAACTGTT TACCACTGTT AAAAAAATAA AAAAAAATAA AAAAAATGG GAAAAAAG 3960
CTGGGGGGGG GGCCCGGTAG CC 3982

GCAATTTTCAG TGGGGACATA GCCCAAACCC ATATCACTGG TGATGCCCAC TTCTTCAGTA 240
TTAGGGATTTC TCAGTCAGAA GAGACCCCTT GTGTGGCCTG AGTCCCCTCA GGAGGAAGGT 300
GGACAACAGA GAAATGAGAG TTTTGATATT TTCTGAAAGA GGAACATGTG TTAGAGATGA 360
AGAATCTTCC AAGGCTCATG CAGTTGCTTA GAATAATCAT TACTGTTATA TGAGAAACAT 420
5 TTTAGTAATT TAATAAAAGG ATAATGTTTA TTTAAAAAAC CTGACTTTTC CAGAGTAATT 480
TTGTTTTGCA CATTGATGTT TATTGAAGTG GACTAATTTT TATAATGCAA ATCAGAGTTA 540
AATATTAAAA ATTGTGTAAA TACAATTGAC ATAGGAATTA CATTAAAAATA TTAGGAAGAA 600
ACAAGGACAA ATTTAGACCT TGAATCCGAA GAGATAAAGC TTACTTGACT TTCAAATGGA 660
GAGATGATGA AAACCCACTC ATTCAGTCTT TCAGAACAAA AAGACAGTCA TCTGATAAGA 720
10 GTATGACATG GATGAAATGC CCTACAGGGG CCTTGGACAT CTTTAATTTT TCGGATTATG 780
TGAAAGAGGT GGAATTTTACA GATAATGGAG CAGAAGCCAA CATTAGTAAA AGGAATCCCA 840
ACTTCTTCCC ATAGAATTAG AAACATGTGA AAGTACAATA AACTTCTTGT TCAAATTACC 900
AGCATCAGAG AGCTTCCCAT TTGCATCTAG ACCTTGAATT TATATTTATT GATCAAGTTC 960
TAATTTGTAT GTATATTTTG TGCATATTTCA CCAATAACAG TTAAAAATTAA TTATGTGTTA1020
15 TAGTTAATAT ATGCACCTAC CTTCTCCCGT TAGTGCATCA GTAAATGTGT TATTTTGTCA1080
TTTTTCCAAA GAGAGTGTG TAGGTTTTCC CTGTAGTTCT TCCTTTATAG CTTTTCTTCT1140
GATAACCATG ACTTCAGGAG CTTTAAACT ATCTATCTTG CATTTGTGTC TGGCGGAGAA1200
CTAGCCATCA GCCTCCTGAA GCCTGCCATC ATTGTTAATT TGAGGACTGG GCTGTCTTGG1260
GGCTCAGAAG GTAAAGAACT ATTTGAGCAG ATGTGTGTGG GTGGCACTGG ATTCCACCCA1320
20 ACTGCCAAGT TAGTATTGTT AGAGATTTCA TTTTACAACA CAAAAATAAG CCTGTGTCAA1380
AGATTTTAAA ATCATGGAAA GTTAAATCT AGAAAGACCT TAGAGAACCA GCCAACCAAC1440
TCTCTCATTT TAAAAGTGAA GGATTCATAG CACAGATTAC TTGCCTAAGA TCATCCAGGA1500
ACGAAGACAA GAATCCAAAT GTACTTGGGG ACAAGAATTA GTCCCCAAAT TCAGTGTCT1560
TCCTAGTATT AAACATTGCC CTTTTCGACA AATTTTGGAT TTCAATCTTG GTATATTTCA1620
25 GTAAACCTGC TGATTTATTA GGTACTGGG TAGATGACAT TAGAATGTAG ATAGCGTGCA1680
CGCTATGATA GACTCTGCTA AGACATGTTT CCAGTGTCCA GCAGCAATGT AGATATGTGT1740
GACAGTGGTC ATGTAGAAGT TATAAAGCAG AGTA 1774

30 (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 401:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- (A) LÄNGE: 3982 Basenpaare
(B) TYP: Nukleinsäure
35 (C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
hergestellte partielle cDNA

40 (iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

45 (vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH
(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

- 50 (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 401

55 CCCAAGTGTG ATGCATTGTT CTTGAGATGT TGAAAAGAAA GCAAAAAATA CCTTCTAACT 60
TAAGACAGAA TTTTAAACA AATGAGCAGT AAAAGTCACA TGAACCACTC CAAATCAGT 120
GCATTTTGCA TATTTTAAA CAAAGACAGC TTGTTGAATA CTGAGAAGAG GAGTGCAAGG 180
AGAAGGTCTG TACTAACAA GCCAAATTCC TCAAGCTCTT ACTGGACTCA GTTCAGAGTG 240
GTGGGCCATT AACCCCAACA TGGAAATTTT CCATATAAAT CTCAATGAAT TCCCTTTCAT 300

5 TAGAATCAGA TATGGAGGAC GAGACTACAG CTTGGATGAA TTTGAAGCCA AAAAAATCCT1260
GCACCAGCAC CTCGGGGCCC CTGAAGAGCG GCTTGCTCTT CACATCCTCA GGACTCAGGG1320
GCTGGTCCCT GAGCACGTGG AAACAAGGAC TTTGCACAGC ACCTTCCAGC CCAACATTT1380
CCAGGGAAAA CTTTCTAGATG GGGTGGATGT TTTCCCCAAG AGTTTGGGGC CACCAGGCC1440
10 TCCTTTCAAC ATCACACCCC GGAAAGCCAA GAAATACTAC CTGCGTGTGA TCATCTGGAA1500
CACCAAGGAC GTTATCTTGG ACGAGAAAAG CATCACAGGA GAGGAAATGA GTGACATCTA1560
CGTCAAAGGC TGGATTCTTG GCAATGAAGA AAACAAACAG AAAACAGATG TCCATTACAG1620
ATCTTTGGAT GGTGAAGGGA ATTTTAACCTG GCGATTTGTT TTCCCGTTTG ACTACCTTCC1680
AGCCGAACAA CTCTGTATCG TTGCGAAAAA AGAGCATTTT TGGAGTATTG ACCAAACGGA1740
15 ATTTTCAATC CCACCCAGGC TGATCATTCA GATATGGGAC AATGACAAGT TTTCTCTGGA1800
TGACTACTTG GGTTCCTTAG AACTTGAATT GCGTCACACG ATCATTCCTG CAAAATCACC1860
AGAGAAATGC AGGTTGGACA TGATTCCGGA CCTCAAAGCC ATGAACCCCC TTAAAGCCAA1920
GACAGCCTCC CTCTTTGAGC AGAAGTCCAT GAAAGGATGG TGGCCATGCT ACGCAGAGAA1980
AGATGGCGCC CGCGTAATGG CTGGGAAAGT GGAGATGACA TTGGAAATCC TCAACGAGAA2040
20 GGAGGCCGAG GAGAGGCCAG CCGGGAAGGG GCGGGACGAA CCAACATGA ACCCAAGCT2100
GGACTTACCA AATCGACCAG AAACCTCCTT CCTCTGGTTC ACCAACCCAT GCAAGACCAT2160
GAAGTTCATC GTGTGGCGCC GCTTTAAGTG GGTTCATCAT GGCTTGCTGT TCCTGCTTAT2220
CCTGCTGCTC TTCGTGGCCG TGCTCCTCTA CTCTTTGCCG AACTATTTGT CAATGAAGAT2280
TGTAAGGCCA AATGTGTAAC AAAGGCCAAG GCTTCATTTT AAGAGTCATC CAGCAATGAG2340
25 AGAATCCTGC CTCTGTAGAC CAACATCCAG TGTGATTTTG TGTCTGAGAC CACACCCAG2400
TAGCAGGTTA CGCCATGTCA CCGAGCCCCA TTGATTCCCA GAGGGTCTTA GTCCTGGAAA2460
GTCAGGCCAA CAAGCAACGT TTGCATCATG TTATCTCTTA AGTATTAATA GTTTTATTTT2520
CTAAAGTTTA AATCATGTTT TTCAAAATAT TTTTCAAGGT GGCTGGTTCC ATTTAAAAAT2580
CATCTTTTTA TATGTGTCTT CGGTTCTAGA CTTTCAAGTT TGGAAATTGC TAAATAGAAT2640
25 TCAAAAATCT CTGCATCCTG AGGTGATATA CTTTCAATTT GTAATCAACT GAAAGAGCTG2700
TGCATTATAA AATCAGTTAG AATAGTTAGA ACAATTCTTA TTTATGCCCA CAACCATTGC2760
TATATTTTGT ATGGATGTCA TAAAAGTCTA TTTAACCTCT GTAATGAAAC TAAATAAAAA2820
TGTTTCACCT TTAAACATA GGGGGGGTGG TCGGGGGGTC GGGAGGGGGG GGGGTGGTGT2880
30 GGGGTGTGG 2889

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 400:

- 35 (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:
(A) LÄNGE: 1774 Basenpaare
(B) TYP: Nukleinsäure
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear
- 40 (ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
hergestellte partielle cDNA
- (iii) HYPOTHETISCH: NEIN
- 45 (iii) ANTI-SENSE: NEIN
- (vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH
(C) ORGAN:
- 50 (vii) SONSTIGE HERKUNFT:
(A) BIBLIOTHEK: cDNA library
- (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 400
- 55

TGAAGGAAGT AACAAAAGTG GGAAACCCCT GATAAACCCC CTCAGGATCC TCATGGAGAA 60
CTTACCTATC CAGGAGAAAT AGCAAAGGGG AAAGAACTGG CCCCCCCTG ATTCCGATGA 120
CCCTCCCCC GGGTCCCTC CCCACAACAT GTGGGAATTC CCAGAAGATA AATTCAAGTT 180

TTATTTTTTTT ACAAGATTTG TGAAGTGAAT ATCATGAACC ATGTTTTGAT ACCCCTTTTT1020
CACGTTGTGC CAACGGAATA GGGTGTGTTGA TATTTCTTCA TATGTTAAGG AGATGCTTCA1080
AAATGTCAAT TGCTTTAAAC TTAAATTACC TCTCAAGAGA CCAAGGTACA TTTACCTCAT1140
TGTGTATATA ATGTTTAATA TTTGTCAGAG CATTCTCCAG GTTTGCAGTT TTATTTCTAT1200
5 AAAGTATGGG TATTATGTTG CTCAGTTACT CAAATGGTAC TGTATTGTTT ATATTTGTAC1260
CCCAAATAAC ATCGTCTGTA CTTTCTGTTT TCTGTATTGT ATTTGTGCAG GATTCTTTAG1320
GCTTTATCAG TGAATCTCT GCCTTTTAAG ATATGTACAG AAAATGTCCA TATAAATTC1380
CATTGAAGTC GAATGATACT GAGAAGCCTG TAAAGAGGAG AAAAAACAT AAGCTGTGTT1440
TCCCCATAAG TTTTTTTAAA TTGTATATTG TATTTGTAGT AATATTCCAA AAGAATGTAA1500
10 ATAGGAAATA GAAGAGTGAT GCTTATGTTA AGTCCTAACA CTACAGTAGA AGAATGGAAG1560
CAGTGCAAAAT AAATTACATT TTTCCCAAAA AAAAAAAAAA AAAAAAAAAA AAAAAAGTGT1620
ATACGTTGGA ATGAAAAAAA AAAAAAAAAA AAAAAAAAAA AAA 1663

15 (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 399:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- 20 (A) LÄNGE: 2889 Basenpaare
(B) TYP: Nukleinsäure
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
hergestellte partielle cDNA

25 (iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

30 (vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH
(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

- 35 (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 399

40 GATCAGGCCT GTGGTCCAGC TCACTGCCAT TGAGATTCTA GCTTGGGGCT TAAGAAATAT 60
GAAAAACTTC CAGATGGCTT CTATCACATC CCCCAGTCTT GTTGTGGAGT GTGGAGGAGA 120
AAGGGTGGAA TCGGTGGTGA TCAAAAACCT TAAGAAGACA CCAACTTTC CAAGTTCTGT 180
TCTCTTCATG AAAGTGTCTT TGCCCAAGGA GGAATTGTAC ATGCCCCCAG TGGTGATCAA 240
GGTCATCGAC CACAGGCAGT TTGGGCGGAA GCCTGTCGTC GGCCAGTGCA CCATCGAGCG 300
45 CCTGGACCGC TTTTCGCTGTG ACCCTTATGC AGGGAAAGAG GACATCGTCC CACAGCTCAA 360
AGCCTCCCTG CTGTCTGCCC CACCATGCCG GGACATCGTT ATCGAAATGG AAGACACCAA 420
ACCATTACTG GCTTCTAAGC TGACAGAAAA GGAGGAAGAA ATCGTGGACT GGTGGAGTAA 480
ATTTGATGCT TCCTCAGGGG AACATGAAAA ATGCGGACAG TATATTGAGA AAGCTATTTC 540
CAAGCTCAAG ATATATAATT GTGAACCTAGA AAATGTAGCA GAATTTGAGG GCCTGACAGA 600
50 CTTCTCAGAT ACGTTCAGT TGTACCGAGG CAAGTCGGAT GAAAATGAAG ATCCTTCTGT 660
GGTTGGAGAG TTAAAGGGCT CTTTTCGGAT CTACCTCTG CCGATGACC CCAGCGTGCC 720
AGCCCCTCCC AGACAGTTTC GGGAATTACC TGACAGCGTC CCACAGGAAT GCACGGTTAG 780
GATTTACATT GTTCGAGGCT TAGAGCTCCA GCCCCAGGAC AACAATGGCC TGTGTGACCC 840
TTACATAAAA ATAACACTGG GCAAAAAAGT CATTGAAGAC CGAGATCACT ACATTCCCAA 900
55 CACTCTCAAC CCAGTCTTTG GCAGGATGTA CGAACTGAGC TGCTACTTAC CTCAAGAAAA 960
AGACCTGAAA ATTTCTGTCT ATGATTATGA CACCTTTACC CGGGATGAAA AAGTAGGAGA1020
AACAATTATT GATCTGGAAG ACCGATTCCCT TTCCCGCTTT GGGTCCCACT GCGGCATACC1080
AGAGGAGTAC TGTGTTTCTG GAGTCAATAC CTGGCGAGAT CAACTGAGAC CAACACAGCT1140
GCTTCAAAAT GTCGCCAGAT TCAAAGGCTT CCCACAACCC ATCCTTTCCG AAGATGGGAG1200

GCCAAGGCGG GTGATCACCT GAGGTCAGGA GTTCAAGACC AGCCTGGCCA ACATGGCAAA 360
ACCCTGTCTC TACTAAAAAG TAAAAAAAT TAGCCGGGCA TGGTGGCTTG TGCTTGTAGT 420
CCCACTTCAG TCTAAGTAGC TGGGACTACA GGCACGTGCC ACNAGGCCCA GCTAATGTGG 480
GTGTTTTGTT AGAGATGAGG TAGGGCCATA TTGCCCAGGC TCGTCTTGAA CACCGGGGCT 540
5 CAAGGAATCT GCCCATCTTC GCCTCCCAAA GTTCTGAGAT AGCAGGTGTG AGTCANTCAT 600
GCCCAGCCTC CTTGAAGTTT ACTAACAATT GGGATAACTG AGGGAAGAGA AGTGACAATT 660
CCACTCAGTC TATTAGAGGT CTGGATATAA GGTAGNCCAC ACAATAACTC TAACNTTGAC 720
TTCTAACCAT TCTATCTTAT TGNATTTGGA GGCTGTCTTC TGNCCAGATT TTTTGTGGCT 780
TGAGATGATA TTTTNCGAAC CCTTCTTTCA CTACCTTTCT TACCCTTAAT GTGNCCAAGC 840
10 TTGAAACAGG ATTTGATTTC CTGAGCNTAC TTGTTTCNGCC TTCTGTGCGT CANCCAAGTA 900
ATCTGGTTCA TCTTTNCGTN CTCATTCATG TTATTTTCAA GTGAAACAAG ACATTTTGGG 960
GGNTCAAGTC TCNTTTGGGN NTGTTTGTGTT TTTATGTATA TAAAAATGGA TTTTGNTGTT1020
CCCTTTCCNA TGTNAAGTAN CCAACTTATA TGGAAACTCA CAATCATAAT GTAAAGAAGA1080
AATGAAANGC CTGGTGTATT GTACTTCAAG ATGCCTCCCT GNATGTATAG AATCNTCCTT1140
15 GTAAATAAAA TAATTGNCAT TGTATATCAG TCTTCCCATC AATATTAATT ATTAAATATT1200
TTAGAATTTT TAAATACCAA CTATAAAAAA AAAAAAAA 1239

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 398:

20

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 1663 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRANG: einzel

25

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
hergestellte partielle cDNA

30

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

35

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

40

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 398

GAACCTGCTC TCCTGCTTGC TGGTCCCTTG ACGCAGAGAC CGTTGCCTCC CCCACAGCCG 60
45 TTTGACTGAA GGCTGCTCTG GAGACCTAGA GTAAAACGGC TGATGGAAGT TGTGGGACCC 120
ACTTCCATTT CCTTCAGTCA TTAGAGGTGG AAGGGAGGGG TCTCCAAGTT TGGAGATTGA 180
GCAGATGAGG CTTGGGATGC CCCCTGCTTT GACTTCAGCC ATGGATGAGG AGTGGGATGG 240
CAGCAAGGTG GCTCCTGTGG CAGTGGAGTT GTTGCCAGAA ACAGTGGCCA GTTGTATCGC 300
CTATAAGACA GGGTAAGGTC TGAAGAGCTG AGCCTGTAAT TCTGCTGTAA TAATGATAGT 360
50 GCTCAAGAAG TGCCTTGAGT TGGTGTACAG TGCCATGGCC AGCAAGAATC CCAGATTTCA 420
GGTTTTATTA CAAAATGTAA GTGGTCACTT GGCGATTTTG TAGTACATGC ATGAGTTACC 480
TTTTTCTCT ATGTCTGAGA ACTGTCAGAT TAAAAACAAGA TGGCAAAGAG ATCGTTAGAG 540
TGCACAACAA AATCACTATC CCATTAGACA CATCATCAAA AGCTTATTTT TATTCTTGCA 600
CTGGAAGAAAT CGTAAGTCAA CTGTTTCTTG ACCATGGCAG TGTCTGGCT CCAAATGGTA 660
55 GTGATTCCAA ATAATGGTTC TGTTAACACT TTGGCAGAAA ATGCCAGCTC AGATATTTTG 720
AGATACTAAG GATTATCTTT GGACATGTAC TGCAGCTTCT TGTCTCTGTT TTGGATTACT 780
GGAATACCCA TGGGCCCTCT CAAGAGTGCT GGAATTCTAG GACATTAAGA TGATTGTCAG 840
TACATTAAAC TTTTCAATCC CATTATGCAA TCTTGTTTGT AAATGTAAAC TTCTAAAAAT 900
ATGGTTAATA ACATTCAACC TGTATTATAC AACTTAAAG GAACCTCAGT GAATTTGTTT 960

5 TCCCTTGGTT TCATCATTTT CATATCTTAA ACCAAATTAC TTCGGTATCT GACAACAGCA 660
TCATCTACCT CAGTCATTAG GATTTCTTAA TAAAAAGAG ATTGTATTTT TGACTTGGTT 720
ATTAAGATTA TTAATAATTAG CCCTTCCTTT GAAATATGAC ATCAGCTTTG CTGTTCTAAA 780
TTTAAAATTA GTTGCTTCAT CAGTACCACA CTCCAGTTT CTATACCAAG CCAGTCTCCT 840
CAGTTTCCC ATTAGAATGG ACATGTTCTG TTCAGCGTGT CATTCTCTGA ATGCTTCATG 900
CAGAGAGTTT GGTACATAGTA TTAAAGAGAA AATACAGTGA GGTCACAATG TCTCCAGAGC 960
TAAAAGTTAG TGAACAAGAA AGAAAGTCCA AAATGAAGTG ATGAAAGAAT GAGGACTTTT 1020
CTTATATTCT GCATATTCTT TGGAGTCAG GACAAGATGA AAAGAAAAAC ATCCAAAAGA 1080
AGTGAAATTG GTGACAGAAT GAGAGGAGCA AAGCATACCA GTGTAGTAAG TGGAAATGTTT 1140
10 GAATGACTTT GCCAGGTCAG AGCAAGTAAT ATTTCTGTAT CTGAGTTTTT GTTGTGTTT 1200
TGATAAGGCT AATGAAATTG CATTCCAGGT AGGGGTTAAC GTCAAATTTT CATGGCTGGT 1260
AGCTGTGCTT TTGGCATATC ACAGTGTTGT GTCACACTA CAAGGTAAAG CATCTACAGC 1320
GGAGAATGAG CTGAAAATG AGAGACCTAT TGTGAATAAA TATGCCCATG AGAGCATATT 1380
TAATAAGCCT CTATAACATG CAGCCAAACC AGACATTCAC TCCTGCAGAG AAATGTTGCC 1440
15 CTGGAGAAAA AGAGATATAT AAAGATAGGC TATCACCTT CTTTTGCTGC AGTACTAAGC 1500
ATAGCAAGAA ATTAGAATCA TTTACATTGG AAATTGAAA ATTCCCTTTA TATACACAAC 1560
TTTACTGTGT ATAAATAAAA AATATTTATT AATGCAGTGA TGTCCGTCAG GTTGTTTTAG 1620
GAATGGCTTC TGCAATTAGA AAAATAGCTT GCTAGAATGT AAATGTTCTG CTTACTGGTA 1680
ATGTACTGCA CACATTCATT GGACGTTAAA ACAAGTGAGT AGCCTTTTTT ACCTGCCAGC 1740
20 AGCATGGCTG TGTGCAGCCA CTAGGCTGAG ACAATAAAT ACCAAAAAT ATAATGTACC 1800
GAGCTGAAAA TGCTCAGTAC ATTATGTGGC ATATTCTGGA TGTGATGAGA AATCTCATTG 1860
CCATTTGGGA CACTGACATC CCAGAAGTAA TCCACAAC TG CTTTGCAAAA GCAAAGTGAC 1920
TGCTCAGATG AACAGAGCAG AGTACTCACT CACTATGGTG GCATCAGCTG CAAAGCGAAA 1980
TGAACGTGCC CATGATCATG TTGATGGTTT TCTAGATACT GCCAACATGT TAGCTCTTTC 2040
25 TGATGCTGAT GAGTTTCAA CACGAACAGA CANCCTTGAT GTGGGTTTGC TAAGAACATA 2100
GAAGAACAGG AAGAAAAGTT GCCAGGGTTT AAAAATCCCA GGGAAAAAAG AAGCATAAAA 2160
AGCATTAGCA GTCAGTGACT GATGATAATG CTTGCAATAA TGGGGAATGG TTTTGTTC 2220
TAAAACCCAA AATTTATTTT TT 2242

30 (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 397:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- (A) LÄNGE: 1239 Basenpaare
(B) TYP: Nukleinsäure
35 (C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
hergestellte partielle cDNA

40

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

45

(vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH
(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

50

- (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 397

55 TAGTCATCCT ACAACATGT TTCTGTTACT TCCTAATATT AAAATAGCCA TTTTGGATTC 60
CATATTTAAA GTGCTCATTT GAGTGAAATT CAAATTAGAA AGAAAGATAT TAAAATGCGC 120
CTAACAAAA CCTCTCTTTC AGAATCCCTA TTCCTTGAAT CTTGGGTTTG AACTGCTTAT 180
TAAAGGCAGG CCTAAACTAA TTTGTGAGAA ATGAAGAAGT TTTAGTATAT AATTCTTTTA 240
AAAAATATCA ATTACGGCTG GGTGCGGTGG CTCAGGCCTG TAATGCCAGC ACTTTGGGAG 300

CATCCAGCAT GCCACACAGA GAGATGCCGG CTTCTACAAG TGCATGGCAA AAAACATTCT1500
CGGCAGTGAC TCCAAAACAA CTTACATCCA CGTCTTCTGA AATGTGGATT CCAGAATGAT1560
TGCTTAGGAA CTGACAACAA AGCGGGGTTT TTAAGGGAAG CCAGGTTGGG GAATAGGAGC1620
TCTTAAATAA TGTGTCACAG TGCATGGTGG CCTCTGGTGG GTTCAAGTT GAGGTTGATC1680
5 TTGATCTACA ATTGTTGGGA AAAGGAAGCA ATGCAGACAC GAGAAGGAGG GCTCAGCCTT1740
GCTGAGACAC TTTCTTTTGT GTTTACATCA TGCCAGGGGC TTCATTCAGG GTGTCTGTGC1800
TCTGACTGCA ATTTTCTTT TTTTGCAAAT GCCACTCGAC TGCCTTCATA AGCGTCCATA1860
GGATATCTGA GGAACATTC TCAAAAATAA GCCATAGACA TGAACAACAC CTCCTACCC1920
CATTGAAGAC GCATCACCTA GTTAACCTGC TGCAGTTTTT ACATGATAGA CTTTGTCCA1980
10 GATTGACAAG TCATCTTCA GTTATTCCTC TGTCACCTCA AAACCTCCAGC TTGCCAATAA2040
GGATTTAGAA CCAGAGTGAC TGATATATAT ATATATTTTA ATTCAAGATT ACATACATAC2100
AGCTACCATT TTATATGAAA AAAGAAAAAC ATTTCTTCCT GGAACCTCACT TTTTATATAA2160
TGTTTTATAT ATATTTTTTT TCCTTTCAAA TCAGACGATG AGACTAGAAG GAGAAATACT2220
TTCTGTCTTA TTAATAATTAA TAAATTATG GTCTTTACAA GACTTGGATA CATTACAGCA2280
15 GACATGGAAA TATAATTTTA AAAAATTTCT CTCCAACCTC CTTCAAATTC AGTCACCACT2340
GTTATATTAC CTTCTCCAGG AACCTCCAG TGGGGAAGGC TGCGATATTA GATTTCTTG2400
TATGCAAAGT TTTTGTGAA AGCTGTGCTC AGAGGAGGTG AGAGGAGAGG AAGGAGAAAA2460
CTGCATCATA ACTTTACAGA ATTGAATCTA GAGTCTTCCC CGAAAAGCCC AGAACTTCT2520
CTGCAGTATC TGGCTTGCTC ATCTGGTCTA AGGTGGCTGC TTCTTCCCCA GCCATGAGTC2580
20 AGTTTGTGCC CATGAATAAT ACACGACCTG TTATTTCCAT GACTGCTTTA CTGTATTTT2640
AAGGTCAATA TACTGTACAT TTGATAATAA AATAATATTC TCCCAAAAAA AAAAAAAAAA2700
AAAAAG 2706

25 (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 396:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 2242 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

30 (C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
hergestellte partielle cDNA

35

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

40

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

45

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 396

50 CAGGCCGGTT CCGGCGAAGT TAAACCCTCG GAGCTGGCCT CGGACTGCTG GGGCGTTACC 60
CCTTCGGCCA CCCCCGCTGA CCATGGCAGT GTTTCATGAC GAGGTGGAAA TCGAGGACTT 120
CCAATATGAC GAGGACTCGG AGACGTATTT CTATCCCTGC CCATGTGGAG ATAACCTCTC 180
CATCACCAGG GAAGATTTGG AGAATGGGGA AGACGTGGCA ACGTGTCTTA GCTGCTCTCT 240
CATTATAAAA GTGATTTATG ACAAAGATCA GTTTGTGTGT GGAGAAACAG TCCCAGCCCC 300
55 TTCAGCCAAC AAAGAATTAG TTAAATGCTG AAGAAGCCTT CAGGAATCCA AATCCTGAAC 360
ATTTGGAATG AGCCCAGATA GAAATATCGA ATGCAAAGCT ACTGGCTTCA CAGAGACAAC 420
CATTTATGAT TTGCTGTTCT GTAAGAGTGT GGATTCTTTC TATCAACTGC TGATATCATC 480
TTCAGGAAGC AAGTCCATAA CATGACATAT CTGGATTTTG TGCTTAGAAC CTTAAATTGG 540
AAGCATTCTT AATTATGCAT CTAAATTTAA AAGAAGATAA TTTCAAAACA GTGCTTTCTT 600

5 TAGTGGTTGT CTTAACATCG TAGTCCTAGT TTGCATTTTT TAAATCCCCT CTGTTTAAAA1980
GGTTTGTAAC ACAAACAA AAACTAAGT CTGCTCAGTG AAATGCTGTA GAACCCCTAAA2040
TAAGTGGTAG AAGAGTGTC CTGAATTTT TCTCTGAATT CAGTATAACT GAGTTTGTCT2100
CATGCTGGTG TCTGGGTAT AGGCCTGATG GGCCTGGTAG TTTTCCATCT TGTTCTGGCC2160
10 TAGAGGTCAG TCCTTTGCAC TTCCTCAAAG CTTGTGTACA GTGCTCACCT AAATCCATCT2220
GACTACTTGT TCCTGTGCCC TCTTGTTTA GGCTCGTTT ACTTTTAAAA AATGAAATTG2280
TTCATGCTG GGAGAAGAAT GTTGAATTT TACTTATTA AAGTCAACTT GTTAAGTTT2340
TTATGTATTC CTGTTGGGT TTCTTGTGA TCTCATGCTA GCAGAGCAA AATTGTAAA2400
TATTTTGATT AAAATCTAG GGACCTTAT GCCTATTTG AAAAAAAA AAA 2453

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 395:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- 15 (A) LÄNGE: 2706 Basenpaare
(B) TYP: Nukleinsäure
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

20 (ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

25 (vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH
(C) ORGAN:

30 (vii) SONSTIGE HERKUNFT:

- (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 395

35 GGGAGGAAGG AGACTACACC TGCTTTGCTG AAAATCAGGT CGGGAAGGAC GAGATGAGAG 60
TCAGAGTCAA GGTGGTGACA GCGCCCGCCA CCATCCGGAA CAAGACTTAC TTGGCGGTTC 120
AGGTGCCCTA TGGAGACGTG GTCAGTGTAG CCTGTGAGGC CAAAGGAGAA CCCATGCCCA 180
AGGTGACTTG GTTGTCCTCA ACCAACAAGG TGATCCCCAC CTCCTCTGAG AAGTATCAGA 240
40 TATACCAAGA TGGCACTCTC CTTATTGAGA AAGCCAGCG TTCTGACAGC GGCAACTACA 300
CCTGCTTGGT CAGGAACAGC GCGGGAGAGG ATAGGAAGAC GGTGTGGATT CACGTCAACG 360
TCCAGCCACC CAAGATCAAC GGTAACCCCA ACCCATCAC CACCGTGGCG GAGATAGCAG 420
CCGGGGGCAG TCGGAAACTG ATTGAGTGCA AAGCTGAAGG CATCCCCACC CCGAGGGTGT 480
TATGGGCTTT TCCCGAGGGT GTGGTTCTGC CAGCTCCATA CTATGGAAAC CGGATCACTG 540
45 TCCATGGCAA CGGTTCCTG GACATCAGGA GTTTGAGGAA GAGCGACTCC GTCCAGCTGG 600
TATGCATGGC ACGCAACGAG GGAGGGGAGG CCAGGTTGAT CCTGCAGCTC ACTGTCTCTG 660
AGCCCATGGA GAAACCCATC TTCCACGACC CGATCAGCGA GAAGATCAGC GCCATGGCGG 720
GGCCACAACA TTCAGCCTCA ACTGCTCTGC CGCGGGGACC CCGACACCCA GCCTGGTGTG 780
GGTCCTTCCC AATGGCACCG ATCTGCAGAG TGGACAGCAG CTGCAGCGCT TCTACCACAA 840
50 GGCTGACGGC ATGCTACACA TTAGCGTCT CTCCTCGGTG GACGCTGGGG CCTACCGCTG 900
CGTGGCCCGC AATGCCGCTG GCCACACGGA GAGGCTGGTC TCCTGAAGG TGGGACTGAA 960
GCCAGAAGCA AACAAGCAGT ATCATAACCT GGTCAGCATC ATCAATGGTG AGACCCTGAA1020
GCTCCCTGAC ACCCTCCCG GGGCTGGGCA GGGACGTTTC TCCTGGACGC TCCCCAATGG1080
CATGCATCTG GAGGGCCCC AAACCTGGG ACGCGTTTCT CTCTGGACA ATGGCACCT1140
55 CACGGTTCGT GAGGCCTCGG TGTGTTGACAG GGGTACCTAT GTATGCAGGA TGGAGACGGA1200
GTACGGCCCT TCGGTCACCA GCATCCCGT GATTGTGATC GCCTATCCTC CCCGGATCAC1260
CAGCGAGCCC ACCCGGTCA TCTACACCCG GCCCGGGAAC ACCGTGAAAC TGAAGTGCAT1320
GGCTATGGGG ATTCCCAAAG CTGACATCAC GTGGGAGTTA CCGGATAAGT CGCATCTGAA1380
GGCAGGGGTT CAGGCTCGTC TGTATGGAAA CAGATTCTT CACCCCAGG GATCACTGAC1440

GCAAAA

546

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 394:

- 5 (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:
(A) LÄNGE: 2453 Basenpaare
(B) TYP: Nukleinsäure
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear
- 10 (ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
hergestellte partielle cDNA
- (iii) HYPOTHETISCH: NEIN
- 15 (iii) ANTI-SENSE: NEIN
- (vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH
20 (C) ORGAN:
- (vii) SONSTIGE HERKUNFT:
(A) BIBLIOTHEK: cDNA library
- 25 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 394

30 CCTGACGGGA CCAAGGCGGC GGGAGTCTGC GGTGCTTCCC TCGGCTGTGG ACCGGGCGGC 60
ACGACGCGGT GCAGGGTAAC ATGGCGGATG CGGAAGTAAT TATTTTGCCA AAGAAACATA 120
AGAAGAAAAA GGAGCGGAAG TCATTGCCAG AAGAAGATGT AGCCGAAATA CAACACGCTG 180
AAGAATTTTT TATCAAACCT GAATCCAAAG TTGCTAAGTT GGACACGTCT CAGTGGCCCC 240
TTTTGCTAAA GAATTTTGAT AAGCTGAATG TAAGGACAAC ACACATATAA CCTCTTGCAT 300
GTGGTTCAAA TCCTCTGAAG AGAGAGATTG GGGACTATAT CAGGACAGGT TTCATTAATC 360
TTGACAAGCC CTCTAACCCC TCTTCCCATG AGGTGGTAGC CTGGATTCTG CCGATACTTC 420
35 GGGTGGAGAA GACAGGGCAC AGTGGTACTC TGGATCCCAA GGTGACTGGT TGTTTAATCG 480
TGTGCATAGA ACGAGCCACT CGCTTGGTGA AGTCACAACA GAGTGCAGGC AAAGAGTATG 540
TGGGGATTGT CCGGCTGCAC AATGCTATTG AAGGGGGGAC CCAGCTTTCT AGGGCCCTAG 600
AAACTCTGAC AGGTGCCTTA TTCCAGCGAC CCCCACTTAT TGCTGCAGTA AAGAGGCAGC 660
TCCGAGTGAG GACCATCTAC GAGAGCAAAA TGATTGAATA CGATCCTGAA AGAAGATTAG 720
40 GAATCTTTTG GGTGAGTTGT GAGGCTGGCA CCTACATTCT GACATTATGT GTGCACAGTG 780
ATCAGTCACG CGCACGAGGT ACGTCAGATG CAGGAGCTTC GGAGGGTTCG TTCTGGAGTC 840
ATGAGTGAAA AGGACCACAT GGTGACAATG CATGATGTGC TTGATGCTCA GTGGCTGTAT 900
GATAACCACA AGGATGAGAG TTACCTGCGG CGAGTTGTTT ACCCTTTGGA AAAGCTGTTG 960
ACATCTCATA AACGGCTGGT TATGAAAGAC AGTGCAGTAA ATGCCATCTG CTATGGGGCC1020
45 AAGATTATGC TTCCAGGTGT TCTTCGATAT GAGGACGGCA TTGAGGTCAA TCAGGAGATT1080
GTGGTTATCA CCACCAAAGG AGAAGCAATC TGCATGGCTA TTGCATTAAT GACCACAGCG1140
GTCATCTCTA CCTGCGACCA TGGTATAGTA GCCAAGATCA AGAGAGTGAT CATGGAGAGA1200
GACACTTACC CTCGGAAGTG GGGTTTAGGT CCAAAGGCAA GTCAGAAGAA GCTGATGATC1260
AAGCAGGGCC TTCTGGACAA GCATGGGAAG CCCACAGACA GCACACCTGC CACCTGGAAG1320
50 CAGGAGTATG TTGACTACAG TGAGTCTGCC AAAAAAGAGG TGTTTGCTGA AGTGGTAAAA1380
GCCCCGAGG TAGTTGCCGA AGCAGCAAAA ACTGCGAAGG GAAGCGAGGA GAGTGAGAGT1440
GAAAGTGACG AGACTCCTCC AGCAGCTCCT CAGTTGATCA AGAAGGAAAA GAAGAAGAGT1500
AAGAAGGACA AGAAGGCCAA AGCTGGTCTG GAGAGCGGGG CCGAGCCTGG AGATGGGGAC1560
AGTGATACCA CCAAGAAGAA GAAGAAGAAG AAGAAAGCAA AAGAGGTAGA ATTGGTTTCT1620
55 GAGTAGTGAA GGCCACTTGA AGCTGGAGGA GAACTAAAG CCTTATTGAG AAAACATGTT1680
ATAGATCCTT TTGTTGCTGA GAGAGTGGAA CATAGGTCCT AGACAGGGTG AAGAGTTCTG1740
GCACATTTTA GCTGCTACTT TGAGACCTCG GTGATGTTAC CTGGTGTGGT CATCCCATCT1800
TGTCCTGTTT TAAGGATATG GGTGGTGAAA GATGAAAGAG GCAGAGTTTA TCCCAATGAC1860
TTCTCTGTTT GAGTTGGGAA GCCTCACCTT CAGACCCAGT AACTGTCCGC AGCTGTCTGC1920

(A) ORGANISMUS: MENSCH
(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

5 (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 392

```
10 GTGAGGGACA GATGGACAGA ATGCAGAGGT ACATAGATGA GCTGAGGCTG ATCCAGCTCC 60
   CCTGAAATTC AGAGTGTTAA CTTTGTAGAC CCTGCACAAT CTCTTGGTGC TATCTAGCCA120
   TTACCCCAT TTTTTTTTAA AAGGCCATCT GAAATTCCAT TTGTCATGGT GGGAAGCATT180
   TTGGATATGA TGCAGGAAAT CTCTTCCTGG AGTCAAAAGT TCCAAGAGG TCCTGTATTT240
   TTAAGAAATG GAATTTATTT AAATAATATT TAAGCTTGTG CCCATGTTGG CCGGGCAACT300
15 TTTTCAATG GTGCTTATTA GAAGAAGTTT TTTCATCTTG TCATTTTAAG AAAATAAAAC360
   TGGAAATTGA ATATGGGTGG CATGATTGTA CCCTTTTAGT TCTCTTATTT TTCTACTCCT420
   CTGTCCCTCT ATAACATATG CATACTATTA GATGCTGGTC CACTGAATGC TGAGATGATC480
   TGTTTTTTGG GGTTTTTTTT TTTAAGAAA TATTTTCACT GGTTTTCTGT GACTCTCTAA540
   ACAC TTCATC GAACTAGGA AGACTGAATT ATGAGGAAA CTATTTGGGA TTAGTGGCCA600
20 GAAACGATGA AATCTTATAG ATCTTTTGAC AGTTTCTCTG TTAGGGGGA GCCTAGGACT660
   GATATCCAAG TTTCTTCCAT ATCCAAGCTT CATTGGGGGA CCCCATTG GCTTTAACAG720
   GTGACCCGGC CCTTTTACC GGGCTTCCAG 750
```

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 393:

25

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 546 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRANG: einzel

30

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
hergestellte partielle cDNA

35

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

40

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

45

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 393

```
50 CACGAGGAGG CCGGGAGTGG AACCCCTCT TTTGAGAAGG TTGCCTGACT CAGAGACACA 60
   GAAACGGGTC CAGGGATGGG GAGAGATGTG GAGTGAGGGA AGGTTTGCAT TTGAGAAAGG120
   AAGTTTCGAGA ACACACTGGG ACATTGTAAC ACATTTGAAC CATCTTCTGA TAGAAAGGTG180
   TTGGCCTCCT AATAATGGGA GGTCAGGGCC AGGTCCTCGG GCATAGGGAG AGGGTCCGGA240
   GAATGCTGCA GACCCCTGCC CACTGCCAC GGTCTCCGCT CCCTGCACCT GCCTCTGATG300
   GTGCAGCTCT GATTCCGTGT CTCTCCTCAT TGCAGATTTA TGAAGGTGCC TACCATGTTT360
55 TCCACAAGGA GCTTCCTGAA GTCACCAACT CCGTCTTCCA TGAAATAAAC ATGTGGGTCT420
   CTCAAAGGAC AGCCACGGCA GGAAGTGGT CCCCACCTG AATGCATTGG CCGGTGCCCG480
   GTCATGGTC TGGGGGATGC AGGCAGGGGA AGGGCAGAGA TGGCTTCTCA GATATGGCTT540
```

5 GCGTGAGGAG GGTGAAGTGA CCGTGTGCTT CAAGATGAAG CATGATTTTA AAAACCTGGC 720
AGCCCCCATT CGCCCCATTG AAGAAAGTGA CCAGGGAACA GAAGTCATCT GGCTCACCCA 780
GCATGTGGAA CTTAGCTTGG GCCCACTTCT TCCTTAAAAG GTTCCACTGG AGGGCAGATC 840
CCAAAGGACA GTATCACCGT AAACCTGCGT TAAAATGTGG AAGCTGCTGC TTCATTAGGC 900
5 CTTGTTTTATA ACGATGTACC CATGCACTAC GGAATTCTAT TGCTAAGAAA GTGGGAGCAT 960
AGGCAAGGCA TTGGGAACAC AGGGTAGCTG CTGTTGCTCT TGCTCTCACC CCTGTTGACA1020
CCAGTAAGTC TGTGTCTCCC TCACTGAACC CTGCACGTTG AGTAACAGCA GCATAATTC1080
ATCCTAGGAA AGGGGATGGG TGTTCCCTTG AATGGCATTG TATTTACCAC CTGAGAAACT1140
CTGTACTGTC TCTTGATCTG ATCTCACTAA GGATCACAAT GTCACAGATG AAACCTAAAT1200
10 GATAACCCAA AGGTAGACCT GCTGTTAATG ATCCAGCATT GGTCACAATG TACCAACTGC1260
TTTCTGCATT CCGTTAAATA TCATCTAACA GTCTAAAACA TATCCCTTCA TTGCCATAAT1320
GGCTGCCATT TTGCCATAGA TTTCCATATA ACTGAAAAAC TGAATTGTCA CTTTATCTTT1380
AGTATCATGA TGATTGGAAA AACCTGTGAA GTTGTTAAGG CACTCTCATT TGCCCTCTTT1440
TTCTAAGTGA ATACAGGACA CGTATTAGTT GTTCTTAANN NNNNNNNNNN NNNNNNNNNN1500
15 NNNNNNNNNN NNNNNNNNNN NNNNNNNNNN NNNNNNNNNN NNNNCAAGGG GGTAGCAGAT1560
TCCATTGCTT TTCAATATTG CCACAATACC CAGGGATTAA TGCTGCCACA GGGGGGCAAT1620
CTTTATTTGT CTTACTTCCT ACCCCTTCCC TGTTCTGCCT CTTTAACTCA GTTAAGTTGT1680
TCTGTTTGGG ACCTGGAAAA GAACCCAAAG AAAACCTGAG TGGACAGGTT CATTTCTGGA1740
ATGCAGAAAA CATTTTAAAG GCTAGATTTT TAGAATATTC TCAACTAGCA TTCTTTCCAT1800
20 TGATTTGAAG GGGAAATTAA CTATTATAAT CTCTTGAATC CAAAACCTGA TATTAAGAAC1860
TTTCCCCCTT ACTAAGTTTA AGACTTTTGT CATGTGGTGA GTCAAATAAG ACCATTTTGA1920
TTGTAAACCA TAAATAGTT CAGCAAGTAG CCCACAGTTC TGGCCTAACA GCAGACTTGC1980
TGTTTTCACT TGGTATCCTG GAGTTGGGTT GCTAACCTTA ATTTCTATGA TGTTTTCTAA2040
AATGAAACTT GATAAAGTAG ACCACCAGCT GCACCGTGTT TTCTGTAAAA GTATTGTTAG2100
25 TAAGTGGCCA AGAGACTTGA GGAAAAATACA GATTTTTTGT TTACCTTGGT CTGTTTTTAA2160
GTCTTAAAAA ATTAAAGATA ACATTATAAT GTAGAATACA GATGGGACAT AGTCCTTGTA2220
AGCTTCCCTT GAAAATGTTT TAAATATTTA GGAAGCTTTT AAAAGACACT AAATTGTA2280
CTAAAAGACA CTAAATTGTA CTAATTGTAC AAAGGTCAAG CCAATTTTAT GAAACAGTCC2340
TACAGAGTAA TATATGTGAT GCAGTGTAAG AAGGAAAATA CTCATCTCTA ACATTATGGT2400
30 AATAACATTT AGCCTCTTAG GAGTTGGAGC AGGGGGATGG GTAATTACAG ATTTGCAGAC2460
TATAGAAAGA GTTTCATTTT TTTGTGACCC CACAGAGTCT CAAATTTTTA TTTCACTACC2520
TGCTAGAGCC TACTGTGAAA TCACTGCTCC ATATTTGCCA GTGGAGGAAA TGGGCATAGA2580
GTAGAGAATA GCTTCATATG GTTTACACGT TTGCATAGAC TACACACATG TCATGCGTTT2640
ATGGCAGGTA GCTGGTATTT ATCCCCAAG TAATAATGTT GAAGTATGGG TCTCATCATT2700
35 CCCATACACA GAAACACAAA ACACCTTGAT CATAAACTTT TTTCTTCAGA AGCCAAACTA2760
ACTTGCAGAA TAATAGAGCC ACTGGTTTAA TGTTTCCTCA AGATAGGTTT TAGTGTAAGC2820
TAGTATTCTG TGTGTTTCGTA GAAATGATTC AATACCTGCA GCTGGTGAAT TAGGAATTGT2880
ATTTGTTGCC TTTTTTATAT TAGATGAGGT GCAAAAATTT TAATGCTAGT CAGTATGCAC2940
CACCACAGGA AAGTTAGATC CCATTAGCAC TTGAAACTAC AGCTTTGGAA ACTTAGGCTA3000
40 AGTTAATTTG GATTTGTTAC TTGATTACAC TACTGACCTT TTCTTTTGT TGAAGTGCTT3060
ATCAGCATAA TGAGCTAAGT GTCATGCATA TTTGTGAAGA AACACCCTTT TTGGTCCCTT3120
TTGGGACAGA GAGGTACTCC TTGATCTTTA TGAATGACAG GTTACTGTTT TGCCTTATTG3180
CTTAACCTAA TGTAGTGAAA TAAAGCAGAC AAAGCTTG 3218

45 (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 392:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 750 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

50 (C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
hergestellte partielle cDNA

55

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

60 (vi) HERKUNFT:

- (A) LÄNGE: 138 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

5

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

10

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

15

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 390:

RFPYLGFPPLS RPPPSLTLPPL SLTFLLPLP HSLAFLYPLT FPHLLFCPCF LSFPRFLTSC 60
LPEYKLLLAFL SRLVAVLHFP SFLGLKPFLH FHCVRVPCRD FPSFSCPAGI LDRLLLLFSF120
AERWEQQTRR PGRSWTKN 138

20

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 391:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 3218 Basenpaare

25

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
hergestellte partielle cDNA

30

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

35

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

40

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 391

45

CGCACCACGA GCTGGTGCAT CCATCAGTAC CCTTGCCGGA CTTTCCCTTA AAGAAGGAGA 60
GGATCAGAAA GAGATAAAGA TTGAGCCAGC TCAGGCTGTG GATGAAGTGG AACCTCTACC 120
TGAAGACTAT TATACAAGAC CAGTAAATTT AACAGAGGTA ACAACCCTTC AGCAGCGTCT 180
GTTACAGCCT GACTTCCAGC CAGTCTGTGC TTCACAGCTC TATCCTCGCC ACAAACATCT 240
50 TCTGATCAAA CGGTCCCTGC GCTGCCGTAA ATGTGAACAT AATTGAGCA AGCCAGAATT 300
TAACCCAACG TCAATCAAAT TCAAAATCCA GCTGGTCGCT GTCAATTATA TTCCAGAAGT 360
GAGAATCATG TCAATTCCCA ACCTTCGCTA CATGAAGGAG AGCCAGGTCC TCCTGACTCT 420
TACAAATCCA GTTGAGAACC TCACCCATGT GACTCTCTTC GAGTGTGAGG AGGGGGACCC 480
TGATGATATC AACAGCACTG CTAAGGTGGT GGTGCCTCCC AAAGAGCTCG TTTTAGCTGG 540
55 CAAGGATGCA GCAGCAGAGT ACGATGAGTT GGCAGAACCT CAAGACTTTC AGGACGATCC 600
TGACATTATA GCCTTCAGAA AGGCCAACAA AGTGGGTATT TTCATCAAAG TTACACCACA 660

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 387:

5

FCIHFECLHV KTQLIYYFNI KPISFEAKLI LLFYKSNQDS FFRMLKAQCL RFMLAALLAL60
LLPLNQVGLS SLRRHTLHYF LWLQRRHHSP RDTGFH 96

10 (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 388:

(A) LÄNGE: 221 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

15

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

20

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

25

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 388:

FIMLNIIILIK FSSFSIRCAI LSSVCLNEAI TFAFLQVFL WNMDKYTMIR KLEGGHHHDVV 60
ACDFSPDGAL LATASYDTRV YIWDPHNGDI LMEFGHLFPP PTFIFAGGAN DRWVRSVSFS120
30 HDGLHVASLA DDKMVRFWRI DEDYPVQVAP LSNGLCCAFS TDGSLAAGT HDGSVYFWAT180
PRQVPSLQHL CRMSIRRVMP TQEVQELPIP SKLLEFLSYR I 221

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 389:

35

(A) LÄNGE: 118 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

40

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

45

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 389:

50

KGGATCPESP QDRKRRGNLD MEKLYSENEG MASNQCKMEN EEQPQDERKP EVTCTLEDKK 60
LENEGKTENK GKTGDEMLK DKGKPESEGE AKEGKSEREG ESEMEEVERE GTRGRGSG 118

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 390:

55

- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

5 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

10 (vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 385:

15 LDSSSHCCSCS TALFRTOTTA AAVPRMVIRV YIASSSGSTA IKKKQQDVLG FLEANKIGFE 60
EKDIAANEEN RKWMRENVPE NSRPATGYPL PPQIFNESQY RGDYDAFFEA RENNAVYAFL120
GLTAPPGSKE AEVQAKQQA 139

20 (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 386:

- (A) LÄNGE: 95 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

25

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

30

(vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

35

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 386:

40 ETKHILLFLL NRCRARGRCN IYTDHHPGNS GCGCLGPEKG CGAAAAMAGI QLGAETAVGR60
EGWGKVEGEL ARAPPPPLAA STELSKRCSS SPKPR 95

40

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 387:

- (A) LÄNGE: 96 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

45

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

50

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

5 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 382:

RLFAPLRTSW AVVIPGARVA LCFYKIMTYV TCLHVCLLVE FLNSQLTNHR KYYFLSYGFW60
FTGLRGFSEY LWPQQHTQFP S 81

10

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 383:

(A) LÄNGE: 61 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
15 (C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

20 (iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

25 :

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 383:

30 IVNRTTACTL FEVNLEWKAR DYTFLKIDIC GAHTIYEIVP SKKEKKKIRR SNLEQHCLIK60
A 61

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 384:

(A) LÄNGE: 56 Aminosäuren
35 (B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

40

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

45 :

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 384:

50 PPDEFFFLFFR GYYFIYCVSP TNVYFKKSIV PGLPFQIHLK ESTCSPVYN LIEMRK 56

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 385:

55 (A) LÄNGE: 139 Aminosäuren

(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 380:

15 DVFHEGDLIG NFRVHLCDS DVLSVLPAGK HIGECQGLQT SVDKVRLLGW FLEIFSFAVL 60
EHS LHRTLPV GGPADAGGTS DLVLDGPPAL PEVHLVVIVN KEKCWLGRAV QIFLQEGHGT120
DHRGGSGRVH KLCGCKIPRG AAEDeqagre VKTSRILKHA IVGFPVSPS 169

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 381:

(A) LÄNGE: 234 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 381:

35 GIPSEWLGA FITLVYCDFA ATMQSCFQGT LFLDLVRSGP SDLLRVGLGF ASVPQVDEGL 60
VDVKHHHGSS GPQAATVTGH FQIIPFHGHL STHAVQPPLT LHIFFFLFPP PRVHHHPLE120
TLQETGGLLS LENLDLGPFF LVQLHRHQRR RALLTHGGVP ALPEEVDALL FAGCPHRVLS180
40 LLATSHCRAH HELPLDHIGI PLMELPDALF GEPAIVEFQD VPDIHGNAGD LKLP 234

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 382:

(A) LÄNGE: 81 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 378:

- 5 (A) LÄNGE: 145 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

10 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

- 15 (vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 378:

20 SNRLVASPKK DARVKTFPPS FCREIIALVC QPVVGTTFQK FKGCWLEKEV FWIAASSQNP 60
LLPHSLPPGV FFPPNSLYLT SLHQKASGNL FRVSVEWEKG QAKAQIFRRE SSYFWPLHVP120
YSGIVGPDDW HSDSQLWFEW NIRGS 145

25 (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 379:

- (A) LÄNGE: 429 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
30 (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

- 35 (vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

40 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 379:

45 RQFEITSISV DVWHILEFDY SRLPKQSIGQ FHEGDAYVVK WKFMVSTAVG SRQKGEHSVR 60
AAGKEKCVYF FWQGRHSTVS EKGTSALMTV ELDEERGAQV QVLQKKEPPC FLQCFQGGMV120
VHSGRREEEE ENVQSEWRLY CVRGEVPVEG NLLEVACHCS SLRSRTSMVV LNVNKALIY180
WHGCKAQAHT KEVGRTAANK IKEQCPLEAG LHSSSKVTIH ECDEGSEPLG FWDALGRRDR240
KAYDCMLQDP GSFNFAPRLF ILSSSSGDEFA ATEFVYPARA PSVVSSMPFL QEDLYSAPQP300
ALFLVDNHHE VYLWQGWPI ENKITGSARI RWASDRKSAM ETVLQYCKGK NLKKPAPKSY360
LIHAGLEPLT FTNMFPSWEH REDIAEITEM DTEVSNQITL VEDVLAKLCK TIYPLADLLA420
50 RPLPEGSIL 429

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 380:

- 55 (A) LÄNGE: 169 Aminosäuren
(B) TYP: Protein

(vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

5 :

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 375:

10 STSHDCVPQA DAAAYSRTAD GETEARGGRG GADLPASPSP RPRLAPPWPV RSTRGARRRR 60
TARGQAGSSS AMAAQLRGKR VLSKLQSPSR ARGPGGSPGG LQKRHARVTV KYDRRELQRR120
LDVEKWIDGR LEELYRGMEA DMPDEINIDE LLELESEEEER SRKIQGLLKS CGKPVEDFIQ180
ELLAKLQGLH RQFGLRQSP SHDGSLSPLQ DRARTAHP 218

15 (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 376:

(A) LÄNGE: 112 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

20

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

25

(vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

30

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 376:

NQLKLKQQAG SFSQEGCKGE NILSFLQGN HCPGVPAAGR HNLSKVQGML ARKGGILDCC 60
LLSEPSPTPQ PASWCLFSSK LSLPNLSSSE GKRESVPGFS RVGERTGKGT DI 112

35

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 377:

(A) LÄNGE: 96 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

40

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

45

(vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

50 :

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 377:

VRPEHSLMVL SLDTPTSYLQ FSRRRASGTL GCKPNLGSMF ALNPNSQRRS ECIFHHAAAG60
55 CWPFRFCVFSQ PSEITSFLVA VTNSSWTMKT LIYFPI 96

(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 373:

15 GGDPVVSSSY RSVGCSEQQK PASSDVVLP TMSYTGfVQG SETTLQSTYS DTSAQPTCDY 60
GYGTWNSGTN RGYEGYGYGY GYGQDNTTNY GYGMATSHSW EMPSSDTNAN TSASGSASAD120
SVLSRINQRL DMVPHLETDM MQGGVYGSGG ERYDSYESCD SRAVLSERDL YRSGYDYSEL180
DPEMEMAYEG QYDAYRDOFR MRGNDTFGPR AQGWADARS GRPMAAGYGR MWEDPMGARG240
20 QCMMSGASRLA LPLLPEHHPR VRHVPGACEV GAPSRAASRF GFRVWQWHEA DEGLGRRGP300
QPICEPRRRR ESRAAF 316

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 374:

(A) LÄNGE: 200 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 374:

40 IPAALLTCSI RMPPCFLFFF LVRKSAVVPV FPVRPHLLHA IAKPENQNGK PPGKAPQPRM 60
PLEHAVLGDD VLGEEGGQAE RHQTCTGPGP PWGLPTCAHS LRPLAGRSGH PGPSVPWDR120
RCRCHACGTG RGRHRIGPHR PFPSQGQARC SHSLTGTGRA HSGRPSSRRT HKSHTFLHLS180
45 RTRLLASCLS PNAAPYLSAG 200

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 375:

(A) LÄNGE: 218 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

DLILLRLELL IDEGHLLPHQ FQLLPQELLA VPDLLGQQLQ AASGAGPLHL LTVTQGLLQP 60
LKALGQGPIQ LLPALLHAPL VLLLLSLAAC GAQHLFKLLN LDLLQAALLL QHGH 114

5 (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 371:

- (A) LÄNGE: 201 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
10 (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

15

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

20

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 371:

25 TASTLRVFP RPASESPPLR ARSDAEDLTA AMSSNECFKC GRSGHWAREC PTGGGRGRGM 60
RSRGRGFQFV SSSLPDICYR CGESGHLAKD CDLQEDACYN CGRGGHIAKD CKEPKREREQ120
CCYNCGKPGH LARDCDHAE QKCYSCGEFG HIQKDCTVKV CYRCGETGHV AINCSKTSEV180
NCYRCGESGH LARECTIEAT A 201

30 (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 372:

30

- (A) LÄNGE: 189 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

35

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

40

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

45

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 372:

LATAVTVDFT CLAAVDGYMT SFTTPIALHF GAVFLNVSEF STRIAFLLIC MVAVTSQMAW 60
FATVVAALLS LSLGLLAVLG NVATSTAVIA GILLKITILG KMTRLTTAIT NIWKRRGNKL120
ETSATASHST TTAITSRTFP GPVARSSTLE ALIAAHGCSQ IFRVGAGPQR RRLGRRPGED180
50 GSQGRGCLF 189

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 373:

- 55 (A) LÄNGE: 316 Aminosäuren
(B) TYP: Protein

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

5 (A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 368:

10 WESMNRWYVK PLETSSSKVK AKTIVMIPDS QKLLRCELES LKSQLQAQTK AFEFLNHSVT 60
MLEKESCLQQ IKIQQLLEVL SPTGRQGEKE EHKWMEQGR QELYGALTQG LQGLEKTLRD120
SEEMQRARTT RCLQLLAQEI RDSKKFLWEE LELVREEVTF IYQKLQAQED EISENLVNIQ180
KMQKTQVKCR KILTKMKQQG HETAACPETE EIPQEPVAAG RMTSRRN 227

15

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 369:

(A) LÄNGE: 155 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

20 (C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

25 (iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

30 (A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 369:

35 FIFSLEGSSG RAVPAAQAGG KGGALLLKGG WERSWSESES ESQEGSGGLR HWCPLWPLRL 60
EALGQAPEHK VRLSMEFCST CTADHISLSS FWRSSFQQPL APAVSLQSPD RRLSHDPAAS120
WSGFCGISP AFSAFSECSP SSLRSHPPAL GASDR 155

40

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 370:

(A) LÄNGE: 114 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

45

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

50

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

55

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 370:

- 5 (A) LÄNGE: 116 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

- 10 (iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

- 15 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 366:

20 KPTKHRCCQH PKKYRYLNP IRSRIFFCGQ NWHSTCWSV WAPIISTDNC YHWISRLCP 60
LPQPSHPHSL RKVTFPQHSI CRQVPPLPSC WQAWQSASVQ IHWICPLRPS DIQARY 116

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 367:

- 25 (A) LÄNGE: 160 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

- 30 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF
(iii) HYPOTHETISCH: ja

35 (vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

- 40 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 367:

SSNPNTAA VNTPRSTGTS IQTSGLEYSS VVKGTGIQVA GLCGLQLLAQ TTVTTGYLAA 60
YAHYHSPATP TASGKLHILN TPFVGKFLHC LLAGKPGKAL LFKSIGSVHS VPAISRDPDIK120
SVGRRCWTTV ARSHFFILVL LGLILLDEVG HRVPLSFLFS 160

- 45 (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 368:

- 50 (A) LÄNGE: 227 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 363:

YKNDRSSYER HANETPSSGE ALESELSFFL MSSDAASFLI FLKTVCF CGM YICTPNYLAL 60
GNHSTTQRQL NKEKFNFKYQ VLSNISQTS D FIKGLPANKV HPKYTGEKAR LLQGPRV 117

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 364:

(A) LÄNGE: 83 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 364:

SCRCFYCPMD MPLTRFW RTP NSPRMTRRHS HVICIFSYQL QIVALLRLPP VQQEMERKHF60
SFLHTTPLDN WKYFWVITIL GYF 83

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 365:

(A) LÄNGE: 144 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 365:

QYGPSRVEVE MSYRIANTLG SFLPRLAQR QQQQNVEDAM KEMQKPLARY IDDEDLDRML 60
REQEREGDPM ANFIKKNKAK ENKNKKVRPR YSGPAPPPNR FNIWPGYRWD GVDRSNGFEQ120
KRFARLASKK AVEELAYKWS VEDM 144

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 366:

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 361:

- 5 (A) LÄNGE: 86 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

10 (iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

15 (A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 361:

20 STIILGKSRI EFESRCPTRV GQGPQSRLIN SHRIQTPGKI ALRSQLLSSL YGSRKNSTKM60
TGHMSVMPM KPHLLEKPLN QNYLFS 86

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 362:

- 25 (A) LÄNGE: 83 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

30 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

35 (vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 362:

40 ITKAIVFSFV FSSGYTVEVR ESLILLFGAI IKAMQQPKIK HFGSSQDDMS GDRSCGSHSN60
NLMGPEEKTG VNVLSFYMQ ELC 83

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 363:

- 45 (A) LÄNGE: 117 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

50 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

5 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 358:

ISKTKKYCGS PSSRIRLEGG HLEMRKARGG DHVPVSHEQP RGGEDAAAQE PRQRPEPELG 60
LKRAVPGGQR PDNAKPNRDL KLQAGSDLRR RRRDLGPHAE GQLAPRDGVI IGLNPLPDVQ120
VNDLRGALDA QLRQAAGGAL QVVHSRQLRQ APGPPEES 158

10

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 359:

(A) LÄNGE: 119 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

15

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

20

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

25

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 359:

30 QSLRTLNLKN KKVWLWISLEP NSARGRSPGD EKGPRGGPCA CVPRAAERRG GRCCPGAQAE 60
ARARAGAQTS CPGGPEAGQC QAQPGPETAG WLRPPEATAG PWPSCRGSAG PEGWGHHWP 119

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 360:

35

(A) LÄNGE: 187 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

40

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

45

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 360:

50

PPEFGWDAAE TDLLLAEEGS GWRGPHGQOV LGLLWRPRL SKLPAVDHLQ SSPRSLAELG 60
IQGATEVVHL DIRQGVKAND DPIPRGQLTL CMRAKVPPSP PEVGASLQFQ VPVGLGIVRP120
LAPRDSSFEP QLWLWPLPGL LGSSVLPASR LLVGHRHMVP PAGLSHLQVT ALEPNSARGR180
STVLFCE 187

55

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

5 (iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

10 :

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 356:

15 GRAGRRATMF SQQQQQQLQQ QQQQLQQLQQ QQLQQQQLQQ QQLLQLQQLL QQSPPQARCH 60
GVSGGPPQQP QQPLLNLQGT NSASLLNGSM RQRALLLQQL QGLDQFAMPP ATYDTAGLTM120
PTATLGNLRG YGMASPLGAA PSLTPPQLAT PNLQQFFPQA TRQSLLGPPP VGVPMNPSQF180
NLSGRNPQKQ ARTSSSTTPN RKDSSSQTMP VEDKSDPPEG SEEAAPRMD TPEDQDLPPC240
PEDIAKEKRT PAPEPEPCEA SELPAKRLRS SEEPTEKEPP GQLQVKAQPQ AG 292

20

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 357:

(A) LÄNGE: 169 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

25 (C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

30 (iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

35 :

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 357:

40 PRRLPSVAVG MVRPAVSYVA GGIANWSSPC NCCKSKALCR MEPLRREAEL VPWRFRSGCC 60
GCCGGPPLTP WQRACGGDCW SSCWSCSNCC CCNCCWSCC CCNCWSCCCC CWSCCCCWL120
NMVARLPARP QRSSRPBGWA GPAAPTBRPG GSGPRAPGLP AATPGPVGS 169

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 358:

45

(A) LÄNGE: 158 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

50

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

55

- (A) LÄNGE: 457 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
5 (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

- (iii) HYPOTHETISCH: ja
10

(vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

- 15 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 354:

20 PVCEPLSCGS PPSVANAVAT GEAHTYESEV KLRCLEGYTM DTDTDFTFCQ KDGRWFPERI 60
SCSPKKCPLP ENITHILVHG DDFSVMNRQVS VSCAEGYTFE GVNISVCQLD GTWEPPFSDE120
SCSPVSCGKP ESPEHGFVVG SKYTFESTII YQCEPGYELE GNRERVQCEN RQWGGVAIC180
KETRCETPLE FLNGKADIEN RTTGPNVVYS CNRGYSLEGP SEAHCTENGW WSHPVPLCKP240
NPCVPFVIP ENALLSEKEF YVDQNVSIK REGFLLQGHG IITCNPDETW TQTSACEKI300
SCGPPAHVEN AIARGVHYQY GDMITYSCYS GYMLEGFLRS VCLENGTWS PPICRAVCRF360
25 PCQNGGICQR PNACSCPEGW MGRLCCEPIC ILPCLNGGRC VAPYQCDCPP GWTGSRCHTA420
VCQSPCLNGG KCVRPNRCHC LSSWTGHNCS RKRRTGF 457

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 355:

- 30 (A) LÄNGE: 210 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

35 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

- 40 (vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

- (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 355:

45 GVRAASKEIE ELRRAHREGT SRAVTGEGPA AGRMTVPKQT QTPDLLPEAL EAQVLPRFQP 60
RVLQVQAQVQ SQTQPRIPST DTQVQPKLQK QAQTQTSPEH LVLQKQVQP QLQQAEPQK120
QVQPVQVQQA HSQGPQVQL QQEAEPKQV QPQVQQAHF TAPRAGAAAA EEAGPDTDFS180
50 TGAHTGHSQA SRHRELLPGA VFSFRPPGAG 210

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 356:

- 55 (A) LÄNGE: 292 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel

(vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

5 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 351:

TLTAHEGRGG KCTEEDASQ QEGCTLGSDP ICLSESQVSE EQEEMGGQSS AAQATASVNA 60
EEIKVARIHE CQWVVEDAPN PDVLLSHKDD VKEGEGGQES FPPELPSEE 108

10

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 352:

15 (A) LÄNGE: 77 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

20 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

25 (vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 352:

30 KFFGNSLHAT PKCTPITLWL FSEKDFSQIV PFTPLRAALG NSPDHLLPPS RHLCVTAGHP60
GLEHPPPPPTD THEYGLP 77

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 353:

35 (A) LÄNGE: 122 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

40 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

45 (vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 353:

50 TYSIHLHSQT KLKSLKVHKK IAQLKSAEYT QNCHPTVFSV FPAILFPPQT SSAPSHPKYA 60
IVFVILIKIL KQKFIVEQFM STKVCLSCSC PVCISSGFII QIKKILKNFL VTACMQPLSV120
PL 122

55 (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 354:

- (A) LÄNGE: 131 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

5

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

10

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

15

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 349:

RSFLTRSVIK LPKRKRTRGET SPGPWAFPLPG GVRVVGPPSF QGSRGSFQPR GCEGEGVEEK 60
RRNRERAQRL DTDTFPSPGP PAVLAQASSH CHLCVQEIHN KKSKTKPKP KQNPKGKDLG120
QWNEEEGRRG R 131

20

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 350:

- (A) LÄNGE: 151 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

25

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

30

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

35

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 350:

RKKGETEREL SASTQTLSHL QGHLPSWPRP APTVTSASRR FIIKKNQKQS QNQNKIQKEK 60
40 TWGNGMRKRG GEEGRRLGLW MHNSRARGLG RKIPQRPAAC VALARHVVFV GRLPIHPVEI120
LVAGLLGGVK PVSDRQAGKG LGDGGCGRER V 151

40

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 351:

45

- (A) LÄNGE: 108 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

50

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

5

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 346:

RTEEEKKKKE KNQPPQLPTP KCWSFYVKGR IPGYGHGVYK YVGRFSANSF PTV 53

10 (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 347:

(A) LÄNGE: 51 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

15

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

20

(vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

25

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 347:

NELKWTNRAE LSVGWQSWKP AFPASHQLNE VMSIQLRLF FKNNHAFLNP N 51

30 (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 348:

(A) LÄNGE: 150 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

35

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

40

(vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

45

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 348:

RHAGGGALGN LPPQPPGSGV MHPETCPSTF LASPLPHSIA PGLFLLDFVL VLALFLIFFY 60
YESPGRRGDS GSWPGPGRQV ALEMKGKLCR GAELSLCFSF FPLLLPLHTP VAGRNLGFPE120
SLGVPPFLPH PGGTPRAPGL FLLFSFWAV 150

50

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 349:

55

- 5 (A) LÄNGE: 116 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

- 10 (iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

- 15 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 344:

20 TALAQPQASQ AQSPHPPNVL DCTDLPLQTI QAWFPRPDPS PATRQSTTAP SSPFSAVKPQ 60
PATPDSGTLF RLPQLLDTRP TRTPNTKLYR LSHPNLRLC TDVLGGLPNS NQTPSP 116

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 345:

- 25 (A) LÄNGE: 111 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

- 30 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

- 35 (vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 345:

40 DIRAESGEVG VGESVQFGVG CSSWPGVQEL GQSKKGSRVW CGWLGFHGRK WAGGGSCRLS 60
GCRGRIGSWE PGLDGLEWEV CAVQDVWVG GLCLTGLGLG QGCLHHNLVS K 111

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 346:

- 45 (A) LÄNGE: 53 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

- 50 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 341:

5 NHSCWQGPQL MPASSPFLLA PKGPPGNMGG PVREPALSA LWLSWGAALG AVACAMALLT 60
QQTELQSLRR EVSRLQGTGG PSQNGEGYPW QSLPEQSSDA LEAWESGERS RKRRAVLTQK120
QKKQHSVLHL VPINATSKDD SDVTEVMWQP ALRRGRGLQA QGYGVRIQDA GYLLYSQVL180
FQDVTFTMGQ VVSREGGRQ ETLFRCIRSM PSHPDRAVNS CYSAGVFHLH QGDILSVIIP240
RARAKLNLSP HGTFLGFVKL 260

10 (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 342:

- (A) LÄNGE: 201 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
15 (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja
20

- (vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH
25

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 342:

TPASWIRTPY PWACRPLPRL RAGCHITSVT SESSLEVALM GTRCRTECCF FCFWVSTALL 60
FRDLSPLSQA SRASELCSGR LCQGYPSFPW EGPPVPCSR L TSLRLCSSV CWVSRAMAQA120
30 TAPRAAPQLN QRATESAGSL TGPPMLPGGP LGASKKGDEA GMSWGPCQQL WFQEWGSKEV180
AGRVRVRAVV QKGRLLRKE K 201

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 343:

- 35 (A) LÄNGE: 165 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear
40

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

- 45 (vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

50 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 343:

GRRSRMEIPV PVQPSWLRRR SAPLPGLSAP GRLFDQRFGE GLLEAELAAL CPTTLAPYYL 60
RAPSVLPPVA QVPTDPGHFS VLLDVKHFS EEIIVKVVGE HVEVHARHEE RPDEHGFVAR120
EFHRRYRLPP GVDPAAVTSA LSPEGVLSIQ AAPASQAAPP PAAAK 165
55

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 344:

(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

5

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

10

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 339:

15 GRAEGLLVHQ LRGIRAGLVG AGPVHVQRNL LPFAAAIVGV QGVDGHLKLY LLLLGLDLG 59

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 340:

20 (A) LÄNGE: 157 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

25 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

30 (vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 340:

35

QPSSLLHHCP YPYPPRHLLA TPLLKPQLLA GSPAHLIS FLASPQRASR QHGGPSQRAG 60
TLSCPLVELG GSSGGRGLCH GSADPTNRAA EPQERGEPAAGDRRPLPEWG RVSLAESPGA120
EFRCPGSLGE WGEIPEKESS AHPKTEEAAL CPAPGSH 157

40 (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 341:

(A) LÄNGE: 260 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

45

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

50

(vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 336:

5

THNTSTITAY RKLQSTLQAS KVHSAQSPW RGRDLKVLMS SYFTCFLLST QCKMNFHLHL60
YFRLKIDSFL VLTLTLEGT VPGKRSRFTV PNH 93

10 (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 337:

(A) LÄNGE: 99 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

15

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

20

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

25

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 337:

LGPRGEIEVY LAKSLAEKLY LCQYPVRPAS MTYDDIPHL S AKIKPKQQKV ELEMAIDTLN60
PNYCRSKGEQ IALNVDGACA DETSTYSSKL MDKQTFCS S 99

30

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 338:

(A) LÄNGE: 56 Aminosäuren

35

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

40

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

45

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 338:

GKSRRSACPS ASRNTCWSRR RRPRPSAQS APLCCGNSWG S GCRWPSQAL PSAAWA 56

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 339:

(A) LÄNGE: 59 Aminosäuren

55

(B) TYP: Protein

- 5 (A) LÄNGE: 75 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

- 10 (iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

- 15 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 334:

KLEYIMSTAN CSFCLILTDY AFPQRSSRSH IYRHIYGSL KEKTLSSIM IYHCAINQKN60
QVRNTIKTTL KGKNF 75

- 20 (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 335:

- 25 (A) LÄNGE: 72 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

- 30 (iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

- 35 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 335:

40 NEYCSWSTCI KQKTCQLLGA NTQNLVPVFF FFLTTIVYTF LKIKFVTKSP MSFTCIYDHQ60
MVIRATYVNA CL 72

- (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 336:

- 45 (A) LÄNGE: 93 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

50 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

5 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 331:

ENWASRYFQS SFTEQKVWVG HWLEGDSPTL TVTIWAATGG IVQLASRCIP HLKVCWIKAI 60
YTLAKSKAKE IALDPESQQD HLIFPNQHLG QQLPSTFLFH SWFFFFFLLQ DLAVTQDGVQ120
WHDH 124

10 (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 332:

(A) LÄNGE: 82 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
15 (C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

20 (iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

25 :

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 332:

LNVDLLITRR LCEKIYVYIY MICRSHFFYQ ALFSLQSHSL TVCNSWFMLM IDKYPVFVTF60
30 SNYHCNDNLS HVYTCNFLAS FP 82

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 333:

35 (A) LÄNGE: 82 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

40 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

45 (vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 333:

50 RLVKYKNSLN REKASQVFPL KVKYGTFFHN KVNDKFNLT FRRKKKTSYE PSLVNHLVYK60
IFPLFKKCFK KIILRSHEIMP WS 82

55 (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 334:

- (A) LÄNGE: 100 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

5

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

10

- (vi) HERKUNFT:
- (A) ORGANISMUS: MENSCH

15

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 329:

ISEVAVNFSV LLLASVCLPI DTHYTNVPSK CSLHICFHCV PTGAMKCVRS PSSGGMSAAL 60
TTAIRIVLCG IFIYINFICT VISLFICQVT ICKSYTHKLL 100

20 (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 330:

- (A) LÄNGE: 122 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

25

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

30

- (vi) HERKUNFT:
- (A) ORGANISMUS: MENSCH

35

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 330:

EAQKWDCIWT KNYKKVQSLV SRMQALALGD GSSLENAAAD SLFQRRSFER RVCYISFFTV 60
TLWRLKDLVV SCFLKITGIW RPKPFWTDI SSKYFFIKVF EGDDFLDLWL DILGFPDYIV120
LS 122

40

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 331:

45

- (A) LÄNGE: 124 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

50

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 326:

10 IRNEKKGCVL SVGEMELVLV VLEQDRHLVL MLWSFVIVEH RG

42

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 327:

(A) LÄNGE: 50 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 327:

30 ATCSDNRSKI FQLFNLECYV LLEPAICMYR INNFYSGQV ILRQSQWIK

50

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 328:

(A) LÄNGE: 48 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 328:

50 PKGVVVNPGA LLSQRTTASE LSACPAPTLP GPVPSHLLIR HSLSSHSL

48

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 329:

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 324:

- 5 (A) LÄNGE: 90 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

10 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

- 15 (vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 324:

20 FFLYSFSSDN HDFSFKTIY LAFVSGGELA ISLLKPAIIV NLRTGLSWGSG EGKELFEQMC60
VGGTGFHPTA KLVILLEISFY NTKISLCQRF 90

25 (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 325:

- (A) LÄNGE: 60 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
30 (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

- 35 (vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

40 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 325:

TRSLLYFHMF LILWEEVGIP FTNVGFCSII CKVHLFHIIA EIKDVQGPCR AFHPCHTLIR60

45 (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 326:

- (A) LÄNGE: 42 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
50 (C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 321:

5 FFFFFFFF HSNVYFFFF FFFFFGKNVI YLHCFHSSTV VLGLNISITL LFPIYILLEY 60
 YYKYNIQFKK TYGETQLMFF SPLYRLLSII RLQWKFIWTF SVHILKGRDY TDKA 114

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 322:

- 10 (A) LÄNGE: 597 Aminosäuren
 (B) TYP: Protein
 (C) STRANG: einzel
 (D) TOPOLOGIE: linear

15 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

 (iii) HYPOTHETISCH: ja

- 20 (vi) HERKUNFT:
 (A) ORGANISMUS: MENSCH

25 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 322:

 EKCGQYIQKG YSKLKIYNCE LENVAEFEGE TDFSDFKLY RGKSDENEDP SVVGEFKGSF 60
 RIYPLPDDPS VPAPPRQFRE LPDSVPQECT VRIYIVRGLE LQPQDNNGLC DPYIKITLGK120
 KVIEDRDHYI PNTLNPVFGF MYELSCYLPQ EKDLKISVYD YDTFTRDEKV GETIIDLENR180
30 FLSREGSHCG IPEEYCVSGV NTWRDQLRPT QLLQNVARFK GFPQPILSED GSRIYGGRD240
 YSLDEFEANK ILHQHLGAPE ERLALHILRT QGLVPEHVET RTLHSTFQPN ISQGKLQMWV300
 DVFPKSLGPP GPPFNITPRK AKKYYLRVII WNTKDVLDE KSITGEEMSD IYVKGWIPGN360
 EENKQKTDVH YRSLDGEENF NWRVFVFPDY LPAEQLCIVA KKEHFWSIDQ TEFRIIPRLI420
 IQIWDNDKFS LDDYLGFLLE DLRHTIIPAK SPEKCRDMI PDLKAMNPLK AKTASLFEQK480
35 SMKGWPCYA EKDGARVMAG KVEMTLEILN EKEADERPAG KGRDEPNMNP KLDLPNRPET540
 SFLWFTNPCK TMKFIVWRRF KWVIIGLLFL LILLLFVAVL LYSLPNYLSM KIVKPNV 597

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 323:

- 40 (A) LÄNGE: 76 Aminosäuren
 (B) TYP: Protein
 (C) STRANG: einzel
 (D) TOPOLOGIE: linear

45 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

 (iii) HYPOTHETISCH: ja

- 50 (vi) HERKUNFT:
 (A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 323:

55 IRRDKAYLTF KWRDDENPLI QSFRTKQSS DKSMTWMKCP TGALDIFNFC DYVKEVDFTD60

(iii) HYPOTHETISCH: ja

5 (vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 319:

10 WWRLNNKSAK VRQQAADLIS RTAVVMKTCQ EEKLMGHLGV VLYEYLGEEY PEVLGSILGA 60
LKAIVNVIGM HKMTPPIKDL LPRLTPILKN RHEKVQENCI DLVGRIADRG AEYVSAREWM120
RICFELLELL KAHKKAIRRA TVNTFGYIAK AIGPHDVLAT LLNNLKVQER QNRVCTTVAI180
AIVAETCSPF TVLPALMNEY RVPENLVQNG VLKSLSFLE YIGEMGKDYI YAVTPLLEDA240
15 LMDRDLVHRQ TASAVVQHMS LGVYGFQCED SLNHLLNYVW PNVFETSPHV IQAVMGALEG300
LRVAIGPCRM LQYCLQGLFH PARKVRDVYW KIYNSIYIGS QDALIAHYPR IYNDDKNHLI360
IRLMNLGL 368

20 (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 320:

(A) LÄNGE: 121 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
25 (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

30

(vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

35

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 320:

YPFFFTLCQRN RVFDISSYVK EMLQNVNCFK LKLPLKRPRY IYLIVYIMFN ICQSILQVCS 60
FISIKYGYV AQLLKWYCIV YICTPNNIVC TFCFLYCICA GFFRLYQC�L CLLRYVQKMS120
40 I 121

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 321:

45 (A) LÄNGE: 114 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

50

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:
55 (A) ORGANISMUS: MENSCH

GSSEGSYSSQ TETCPLTPSL VTGSMFAQNF LRGLSLQKSN LLPECCLASE NLTLSFSPSVN 60
GHRCAVQGE TSESRAQWHG VALVVRKVIG QLYCKRNKYV VQFCKCQVCS VVL 113

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 317:

5

- (A) LÄNGE: 100 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

10

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

15

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

20

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 317:

GKRGQLWSLN LLAPCAGYKT RSWSKIALTP NPNVQDLGA TQPVVWCWF PFFVCLLVSK 60
IALLGTAWKV QAFLARSL ASSPCLHSVP KEFCSTLWS 100

25

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 318:

- (A) LÄNGE: 101 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

30

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

35

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

40

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 318:

SQIISNLVDN YSIQELMFSE TVINRIFTSG LAGRLGGRKG RVEGWVAHQN GDEPGKTTML 60
LFLYPLKPIS RVLNDAFFVC FLIGSQISFS IKNWGYKPKKE T 101

45

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 319:

- (A) LÄNGE: 368 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

50

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

5

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

10 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 314:

FRNRKHLERK KKNPQNIQAN LYSVSFSHPH TCSPISKMKN SLPKCIQPPT MMLLIGIWIN 60
FTKKPMNPPII ANPIAVAMAI FWNSFLSGLV HLLTSRMESF TNCRLGSTNC IT 112

15 (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 315:

(A) LÄNGE: 110 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

20 (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

25

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

30

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 315:

DEKLSSKMY S ATNNDVINRN MDQFHKEANE SHYSKSYCCC HGNLLEFFSI RFSASFNQPN 60
GVLYKLPTWL NKLHYLIHDC LPNRHLKCQG HVALELADGG PPEPESGFLP 110

35

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 316:

(A) LÄNGE: 113 Aminosäuren

40 (B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

45

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

50 (A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 316:

IQLLGRNFIL FIIFGTMEEM QNKAVVFFVF YLWSAIEIFR YSFYMLTCID MDWKVLTWLR120
YTLWIPLYPL GCLAEAVSVI QSIPIFNETG RFSETLPYPV KIKVRFSFFL QIYLIMIFLG180
LYINFRHLYK QRRRRYGQKK KKIH 204

5 (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 312:

- (A) LÄNGE: 155 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
10 (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

15

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

20

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 312:

RISGCSPRSS CCFQCPTADR FKKPTEQQQN EVFLRSIQKC TVPPLTRTST QVNGLSQCRR 60
WKAAlFYVCA QPYSLEVCLA YSNISSLKA VHCYCQFDLH TVFPLDPCYH LDLVCVCVYV120
25 CLCVCGLVWF ETGSCTVTPG CSAVAQSRLT AALTS 155

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 313:

- 30 (A) LÄNGE: 70 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

35 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

40 (vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 313:

45 AVMDQVMQFV EPSRQFVKDS IRLVKRCTKP DRKEFQKIAM ATAIGFAIMG FIGFFVKLIH60
IPINNIIVGG 70

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 314:

50

- (A) LÄNGE: 112 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

55

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

5 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 309:

SYGATAAFLS RSEASYFRTD CETGFRFLPS WTRGQGCAPS ACLPSRSQTI PTLAGLEGFD 60
QSGSCSDQGG GGWQGRPPFP FCLLSSLGDV GLSFGEDSL SWNWASQGRV QRQGQEKKVR120
V 121

10

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 310:

(A) LÄNGE: 249 Aminosäuren

15

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

20

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

25

(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 310:

30 SEQGAKSADS VAAQPRPVPA EGMNHQQMSL FSKKRKGLVQ SRGLGSVLMF QPLRPAFLSR 60
RPGFQLQGGM ANVWPQCGGR LGWVWAARLV TLGGRSFFAF RDKLQRAAEY SESGLPRLGA120
VVQELVAQPI ATLATGHLQG FRSIVLRTLQ HAVGVNGLGE RRPWRRVCIL RAAGEQLIAT180
LGTHVNARFK VILENLAPEE AAERHGATGT AARLPLPTDQ RLPTRRPPVP ASTSPPLPRT240
NRSPEGESR 249

35

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 311:

(A) LÄNGE: 204 Aminosäuren

40

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

45

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

50

(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 311:

55 LGSSWIFVNL TVRFCILGKE SFYDTFHTVA DMMYFCQMLA VVETINAAIG VTTSPVLPSL 60

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

5

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

10

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 307:

15 SESLTHPGEE PGGPPPGGAP TMATPLVAGP AALRFAAAAS WQVVRGRCVE HFPRVLEFLR 60
SLRAVAPGLV RYRHHHERLCM GLKAKVVVEL ILQGRPWAQV LKALNHHFPE SGPIVRDPKA120
TKQDLRKILE AQETFYQQVK QLSEAPVDLA SKLQELEQEY GEPFLAAMEK LLFEYLCQLE180
KALPTPQAQQ LQDVLSWMP GVSITSSLAW RQYGVDMGWL LPECSVTDSV NLAEPMEQNP240
PQQQRLALHN PLPKAKPGTH LPQGFSSRTH PEPLAGRHFN LAPLGRRRVQ SQWASTRGGH300
KERPTVMLFP FRNLGSPTQV ISKPESKEEH AIYTADLAMG TRAASTGKSK SPCQTLGGRA360
20 LKENPVDLPA TEQKENCLDC YMDPLRLSLL PPRARKPVCP PSLCSSVITI GDLVLDSDEE420
ENGQGEKES LENYQKTKFD TLIPTLCEYL PPSGHGAIPV SSCDCRDSSR PL 472

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 308:

25

(A) LÄNGE: 138 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

30

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

35

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 308:

40 PGFALRGAIG PREGRGGGRG YRRSSGRQPL VSWQRQARCG SGGAMSFCSE FGGEVFQNH 60
EPGVYVCAKC GYELFSSRSK YAHSSPWPAF TETIHADSV KRPENRSEA LKVSCGKCGN120
GLGHEFLNDG PKPGQSRF 138

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 309:

45

(A) LÄNGE: 121 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

50

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

55

LKRDVGDPLV VAPAFFAVAG HLHQAVALPG VVRVRDQET MQVSGLGAL GLGRLSQELR240
QALHARHPHD VDVVVTAEGL DEREVDLQGD VILLLLVNGQ EAEDHAVVWH IHQLGRLVHP300
HCEAILALSG HQKLLHRGGH RLHLLRRVVA RHELFQRHVA IIIHSGCGST AVPREKLQNP360
SQRAQNLPTL LERSKTFGK QRNPSRKGGK IYCKVLGEDN PGSCGNQR 408

5

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 305:

- (A) LÄNGE: 169 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
10 (C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

15 (iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

20 (A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 305:

25 GWGVWQAGLD PVLGPPSSAV PSLLLGVVSM VWPHLQLCLS AVPLASSSLN SAAWSPVSSR 60
ARQGWGGWCW QQLLSWCDLS GLHLRGRNGP GYRGQIHGPW SPRPPGLGAA GGRWLLVGRW120
PSCLA CLPCL SSSPNALSVS AFLAPGLSTP SAYKAVSPPQ TTVWLQPIR 169

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 306:

- 30 (A) LÄNGE: 120 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

35 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

40 (vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 306:

45 ILQLGHQFPL VPARAGAVGV GSSFSLGATF PASTSEVGMG QAIEVRFIQA GVLVLRAWGL 60
LGGAGCWWEH GHRAWLVFPA SLLLLTCLLS LLSWPRASPL PQLIRLCLLL RPQSGSSPSG120

50 (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 307:

- (A) LÄNGE: 472 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
55 (D) TOPOLOGIE: linear

(vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

5 :

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 299:

10 ESRRGALAGP LSKAGEGRPG WYLNVPGLMS HPFLPHSYSL TLMAKARDAG PKGKNVLSVF60
SGFYSLVSLH 70

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 300:

15 (A) LÄNGE: 143 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

20 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF
(iii) HYPOTHETISCH: ja

25 (vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 300:

30 GVKAREYRED VFTFRACVSG FGHQGGQVRGV RKEGGMGQHPW DVQVPSWSPF SSLREWTSQS 60
TSSGLSDLLL CLYQPWQGSR IHLVSGGPSQ YHWGSNKFLE PQSLGPGSQL IADGVPFKLVL20
PARAEFGTSL KGNSVTYELG PWP 143

35 (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 304:

40 (A) LÄNGE: 408 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

45 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF
(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

50 :

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 304:

55 FANWEFMGTE QLQPQLPSPK VWSCRGCRQG PTKFNQVSRM QTPAPVSRRV GLAVSLTPPP 60
SGQSGPSVMG KAAACPATPA SAPSQGLSFG GPVSCWPGSP LLHLIGGRQL LDLCPGCGRS120
LPFSSSSSSS VSNDAPDGP RGLGCFGGVV LGGRGFKYLL YFLFVAATQQ ILLGRASAF180

- 5 (A) LÄNGE: 73 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

- 10 (iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

- 15 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 294:

PPKCLVSLN NMNETKDEPD YLVTHRRRTS SSGNQILFQA WHIKGKKGSE RRVRYHLKP60
QKIWQKTASK SIR 73

20

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 298:

- 25 (A) LÄNGE: 132 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

- 30 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF
(iii) HYPOTHETISCH: ja

35 (vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

- (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 298:

40 PLGPASSAFG PSGSKSRSEE GRDGTASPGT FKYHPWSPLS SLREWTSQST SSGLSDLLLC 60
LYQPWQGSRI HLVGSGPSQY HWGSNKFLEP QSLGPGSQLI GDGVPFQARA EFGTSGHELE120
GNSVSYELGP WP 132

- 45 (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 299:

- (A) LÄNGE: 70 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
50 (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

5 (A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 288:

10 ARNIQSDLEW MIKIQSQTPS VFDFCLLDPH FS

32

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 292:

(A) LÄNGE: 76 Aminosäuren

15 (B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

20

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

25 (A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 292:

30 CAKLETGFDF LSYLFACAS PSNLVHLSSH SCYFQVKQDI LGVKSILWVFC FYVYKNGFCV60
FFPCKYQLIW KLTIIM 76

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 293:

35 (A) LÄNGE: 63 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

40 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

45 (vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 293:

50 VELSLLEFPQL SQLLVNFKEA GHDDSHLLSQ NFGRRRWADS LSPGVQDEPG QYGPTSSLTK60
HPH 63

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 294:

LTSSFEHSI GFLEIKVLES LLCLGNFEEK LVLPLTVLGL CLCLQKLKWL THKLSSAAE 59

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 286:

5

- (A) LÄNGE: 65 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

10

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

15

- (vi) HERKUNFT:
- (A) ORGANISMUS: MENSCH

:

20

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 286:

GKEPQPESNS IMVKFPTSS CEWVIRKNEP PKDKNQRMG SVTGSLSIL NPIEYCGLTK60
CQGGD 65

25

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 287:

- (A) LÄNGE: 48 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

30

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

35

(iii) HYPOTHETISCH: ja

- (vi) HERKUNFT:
- (A) ORGANISMUS: MENSCH

40

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 287:

FLSFGSSFFL ITHSQDDSVG NLTMIELLSG WGSFPHRKDI LKTKKYLN

48

45

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 288:

- (A) LÄNGE: 32 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

50

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

5 (iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

10 :

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 283:

15 VYSANEGQNF QFIDGYSAAD ESLCVSHFNF CKQRHRPRTV RGRTSFSSKL PRHNKENSTF60
ISRKPMECSN EEVVNQGSQSD GSMGKF 86

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 284:

(A) LÄNGE: 69 Aminosäuren

20 (B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

25

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

30 (A) ORGANISMUS: MENSCH

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 284:

35 GAELVFLQNC LGIIRKIALL FQGNRWNVQM RKLKIGSRM DQWVNFRWRQ GGAYIHSNPD60
VIWSGQGWK 69

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 285:

40 (A) LÄNGE: 59 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

45 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

50 (vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 285:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 277:

5 YILEISPLKP SLAPTSCGLM PQGFPPHFCN PRYPSLSTPS QTPTPGIARE DFGLANCVGY60
VSVVLIRDVH DCQSAFLTSV TTLRCNSSQ KKTFS 95

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 278:

- 10 (A) LÄNGE: 133 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

15 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

- 20 (vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 278:

25 PTQFARPKSS RAIPGVGVWD GVDNEGYLGL QKWGGNPWGI SPQEVGASDG FRGDISNIYQ 60
PWALSPCCSQ HGPHTSSLRL TWELVRNAGS PRSIELEAVL TRSPVIFMAQ SSFLRDRCL120
LSAGMRHPWG RCG 133

30 (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 279:

- 35 (A) LÄNGE: 102 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

40 (iii) HYPOTHETISCH: ja

- (vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

45 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 279:

50 LKQSHNQHN LLGQSLHGQS LGWESGMGWI MKDTWGCERSG VGIPGASVHR RWGPAMASGV 60
IFPIYISPGH SRPAAHSMVL TPAASALPGS LLEMQDLPDL LS 102

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 283:

- 55 (A) LÄNGE: 86 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel

- (A) LÄNGE: 56 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

5

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

10

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

15

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 275:

LLHQYHTSSF YTKPVSSVFP LEWTCVQRV MSVMLHAESL VIVLKRKYSE VTMSPE 56

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 276:

20

(A) LÄNGE: 69 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

25

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

30

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

35

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 276:

HAEQHMSILM GKLRRLOWYR NWKCGTDEAT NFKFRTAKLM SYFKGRANFN NLNNQVKNTT60
SFLLRNPND 69

40 (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 277:

(A) LÄNGE: 95 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

45

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

50

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

(vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

5

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 269:

NLVYTMWLQI YVNVHFEHIY VLWKEMLVTK IRFTLKEEEF YSKHSNLFK CFKIQSIVFK 60
VAVKASTYVK TQKEGSSDKN TAPLLCCFSC SLYTLKHL 103

10

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 270:

(A) LÄNGE: 82 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

15

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

20

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

25

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 270:

FIYKQSKVRD IFAVTLAILS LQPTSRVQC TSNNSLKTRH LTISVYLCK VNKKSIIKE60
LCFYQSLPS EFLHKLMPSL QL 82

30

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 274:

(A) LÄNGE: 95 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

35

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

40

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

45

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 274:

QQHHLFQSLG FLNKKEVVFL TWLLRLLKLA LPLKYDISFA VLNLKLVASS VPHFQFLYQA60
SLLSFPIRMD MCCSACHVCN ASCREFGHSI KEKIQ 95

50

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 275:

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 267:

- 5 (A) LÄNGE: 136 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

10 (iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

15 (A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 267:

20 VGIWQEDHLP QSLGFLNKKE IVFLSWLLRL LKLALPLKYD ISFAVLNLKL VASSVAHFQF 60
LYQASLLSFP LRMGQVCSGG HSVRFSGFG RGFKGKYS GG RMGSGVKVGD KGGRAKGGVE120
GWGPYLD RGM PGGQGK 136

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 268:

- 25 (A) LÄNGE: 92 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

30 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

35 (vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 268:

40 LVYPKQGTKE PGKRSGHVKR DTQDTLRDQS GSTPVLLPEC LCVNPCFLQN KRQQRKLLNQ60
NTDPMRNGAC FCDPGELSAR LQELTDGQLL IF 92

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 269:

- 45 (A) LÄNGE: 103 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

50

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 264:

10 RNMSSFSRAP QQWATFARIW YLLDGKMQPP GKLAAMASIR LQGLHKPVYH ALSDCGDHVV 60
IMNTRHIAFS GNKWEQKVYS SHTGYPGGFR QVTAAQLHLR DPVAIVKLAI YGMLPKNLHR120
RTMMERLHLF PDEYIPEDIL KNLVEELPQP RKIPKRLDEY TQEEIDAFPR LWTPPEDYRL180

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 265:

(A) LÄNGE: 78 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 265:

VIGYPSRINS EPSPVIYNRP GNNVKLNCMA MGISKADITW ELTDKSHLKA GVQARLYGNR60
FLQPQGSMTM SACHKEGW 78

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 266:

(A) LÄNGE: 40 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 266:

ATPLCGMLNG SLIPGVEEIC FHTDEPEPLP SDATYPLTPT 40

QVDTLISTRK GLKLQNQCSL DSQTNDSTV TPGID

35

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 256:

- 5 (A) LÄNGE: 41 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

- 10 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF
(iii) HYPOTHETISCH: ja

- 15 (vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 256:

20 TKPQRHRTTM GKGHFLGSEY DLQNGPCGLG IYPYAVPWSN A

41

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 260:

- 25 (A) LÄNGE: 205 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

- 30 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF
(iii) HYPOTHETISCH: ja

- 35 (vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 260:

40 GSVKVPASPR PGGTSLGFPV AAKELSFSPR NRRGQLPRP PGS�TLLFF SSPASRGAS 60
LSPGGIRLLL PPPHLLPGQ PACPAVMCD KEFMWALKNG DLDEVKDYVA KGEDVNRTLE120
GGRKPLHYAA DCGQLEILEF LLLKGADINA PDKHHITPLL SAVYEGHVSC VKLLLSKGAD180
KTVKGPDLT AFEATDNQAI KALLQ 205

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 264:

- 50 (A) LÄNGE: 180 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

- (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

5

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

10

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 253:

LEILGIFSRV SKLSSSPDT HPSSQIGVAI LGGRVVYGTP GCLHISQNYF RTIVPKSRVF 60
TGRQNLFSMP VPQLLSQIP LGSQQLPIPH QTATVPSLSP YCSFKSCSQE RNCH 114

15

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 254:

(A) LÄNGE: 53 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

20

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

25

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

30

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 254:

IPSPQGPFCR SYSDPRKCPF PIVVLCLWGL VYPRGNCGEI IGLRVKRALV LEL 53

35

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 255:

(A) LÄNGE: 35 Aminosäuren

40

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

45

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

50

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 255:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 244:

5 CQHVVHCHCDF SSHDPDMCYG YLRVQATRS WIIPFFCYQI FDFALNMLVA ITVLIYPNSI 60
QEYIRQLPPN FPYRDDVMSV NPTCLVLIIL LFISIILTFK GYLISCVWNC YRYINGRNSS120
DVLVYVTSND TTVLLPPYDD ATVNGAKEP PPPYVSA 157

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 251:

- 10 (A) LÄNGE: 81 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

- 15 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF
(iii) HYPOTHETISCH: ja

- 20 (vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 251:

25 ATKTVPRQRW SPPHCPRPNP SLNLLRCGWG NRGKTEAPDA FSLCASSAID CPDVQRETH60
RFAHENWGAD GQADRLCLFS E 81

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 252:

- 30 (A) LÄNGE: 97 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

- 35 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF
(iii) HYPOTHETISCH: ja

- 40 (vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 252:

45 GVDGETEAKL RHLMSACCA AVPLTALMFR EKRTQGLPMR IGEQMAKQIG YVCFLSDEVR60
KPCGSGGHLW FILFPYPWLL EMVTFRTVQL HLSEHYC 97

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 253:

- 50 (A) LÄNGE: 114 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
55 (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

5

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

10

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 239:

NLYPTLEFNP SHEVVVELTGF FSTPFFRTPL RYLVFYGSHW LRSLCSRCRD LPAFRKPAAI60
SVHPWKRSVQ NAGS 74

15

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 243:

(A) LÄNGE: 183 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

20

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

25

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

30

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 243:

AAVAFGAKGT SPAEARSSRG IEEAGPRAHG RAGREPERRR SRQQRGGGLQ ARRSTLLKTC 60
35 ARARATAPGA MKMVAPWTRF YSNSCCLCCH VRTGTILLGV WYLIINAVVL LILLSALADP120
DQYNFSSSEL GGDFEFMDDA NMCIATIAISL LMILICAMAT YGAYKQRAAG SSHSSVTRSL180
TLP 183

40 (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 244:

(A) LÄNGE: 157 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

45

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

50

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 233:

5 DSLRRGLGIC LWEFIHLSLL FTSPKPGFPL LKPAVISQLE GGSELGGSSP LAAGTGLQGS 60
QTDIQTNDL TKEMYEGKEN VSFELQRDFS QETDFSEASL LEKQQEVHSA GNIKKEKSNT120
IDGTVKDETS PVEECFFSQS SNSYQCHTIT GEQPSGCTGL GKSISFDTKL VKHEIINSEE180
RPFKCEELVE PFRCDSQLIQ PSREQH 206

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 237:

10

- (A) LÄNGE: 57 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

15

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

20

- (vi) HERKUNFT:
- (A) ORGANISMUS: MENSCH

25

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 237:

RIRRSALIFS KGVQRWRRVF GRRVSPGSGN TESEASDYRK KQGTSKVFGF RVLKKIQ 57

30 (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 238:

- (A) LÄNGE: 44 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- 35 (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

40

- (vi) HERKUNFT:
- (A) ORGANISMUS: MENSCH

45

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 238:

GTLFFTVVTG FALCVPAAGT YPPSENPPPS LYTLGKDQCR TPDF 44

50 (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 239:

- (A) LÄNGE: 74 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- 55 (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

5

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

10

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 228:

RMSVVEASFV CLGTTGRCH WSCRFSNSP FGFLDILETK SEQWPTGGLA EGYGKRTSFH60
LPVQHMAVH RSSLVGVREPK THAHLTL 87

15

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 229:

(A) LÄNGE: 150 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

20

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

25

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

30

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 229:

ATLSRFFGRI FNLRLTQVFP FLFSSPNDKK SFCSIEGEWN GVMYAKYATG ENTVFVDTKK 60
35 LPIIKKKVRK LEDQNEYESR SLWKDVTFNL KIRDIDAATE AKHRLEERQR AEARERKEKE120
IQWETRLFHE DGEWCWYDEP LLKRLGAAKH 150

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 233:

40

(A) LÄNGE: 206 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

45

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

50

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 225:

5 GQTMRTGLR GVSRAQSHLS RKVASALAVP ASRRIAVPGD LHTGRVSWLR RRVILPPDAS60
ILSHVFRKYF RKFLNQQAFA FLHGVDLAFN LLIFS 95

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 226:

- 10 (A) LÄNGE: 87 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

15 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

- 20 (vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 226:

25 ALRPPLYALG QQVGAVTGPA DCSATAPLDF WIFWKQSQNS GLLGGWQRGM VRGPPFISLF60
SIRWQSTGHP WWVSGPRPMP TLPFESR 87

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 227:

- 30 (A) LÄNGE: 79 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

35 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

- 40 (vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 227:

45 APALATQPPL SLPRGTGPAY LNSLTMLQT WLLDSKLLSS NVLLPHFHFL HICLLLYWFL60
LLNLYFHSWV LCLPPFFSA 79

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 228:

- 50 (A) LÄNGE: 87 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

5 (iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

10 : (A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 223:

15 QSLRHCWLN I SLQRDGAFKE PGAGPVSSKA LDVFLVRTRR GCQMLKPSG LVWPRAAGQG 60
RAEKWSSSQL ALPSPTQPRP RWSLDSILTS ASPKVQMSKC LVVQSQEMGS YLKS 114

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 224:

20 (A) LÄNGE: 145 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

25 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

30 : (A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 224:

35 GCVGGGRAEA MAEKFDHLEE HLEKFVENIR QLGIVSDFQ PSSQAGLNQK LNFIVTGLQD 60
IDKCRQQLHD ITVPLEVFY IDQGRNPQLY TKECLERALA KNEQVKGKID TMKKFKSLI120
QELSKVFPED MAKYRSIRGE DHPPS 145

40 (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 225:

45 (A) LÄNGE: 95 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

50

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 220:

5 NKWNKSKLGK EISKATQSLD PAQLADPCHS LAVAASLCSL KGEPGQCFPS PWAWSLHSGK60
QTSGPFPSQ ECLAAWVLI AMF 83

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 221:

10 (A) LÄNGE: 83 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

15 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

20 (vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 221:

25 NSKLVDCRME TWLLRHVVSF SLCVSCWGV MIVSALTHCT RWQQDTALHK MAAPLQLPPQ60
PPSLHPRFRG LWFLSSVTYC LRS 83

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 222:

30 (A) LÄNGE: 90 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

35 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

40 (vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 222:

45 CLHNREPDIF RILSSSYGI LRPRSylQTK WPWSLQNIAM STHQAAARHSW DLGKGPLVCF60
PLCSDQAQGL GKHWPFGSPFS EHREAATARE 90

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 223:

50 (A) LÄNGE: 114 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel

- (A) LÄNGE: 52 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

5

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

10

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

15

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 218:

KFSSKDDRTS RRRSIIISER KKILSIYNPL LLITPKIGGS RKMHLGFTEE RS

52

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 219:

20

- (A) LÄNGE: 150 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

25

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

30

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

35

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 219:

DKRNGIISKK LSPEKTTLKS ILKRKGTS DI SDESDDIEIS SKSRVRKRAS SLRFKRIKET 60
KKELHNSPKT MNKTNQVYAA NEDHNSQFID DYSSSDESLS VSHFSFSKQS HRPRTIRDRT120
SFSSKLPSHN KKNSTFIPRK PMKCSNEESC 150

40

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 220:

- (A) LÄNGE: 83 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

45

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

50

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

5 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 215:

10 LPTAFLLSSV FWIFMTWFIL FFPDLGAPF YFSFIFSIVA FLYFFYKTWA TDPGFTKASE 60
EEKKVNIITL AETGSLDFRT FCTSLIRKP LRSLHCHVCN CCVARYDQHC LWTGRCIGFG120
NHHYYIFFLF FLSMVCGWII YGSFIYLSSH CATTFKEDGL WTYLNQIVAC SPWVLYILML180
ATFHFSWSTF LLLNQLFQIA FLGLTSHERI SLQKQSKHMK QTLSLRKTPY NLGFMQNLAD240
FFQCGCFGLV KPCVVDWTSQ YTMVFHPARE KVLRSV 276

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 216:

15

(A) LÄNGE: 49 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

20

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

25

(vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

30 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 216:

SPSRSPVVFA GEFLFKHPFV EESLMSFFHP DLHLMNPKAI STQFLYSVF

49

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 217:

35

(A) LÄNGE: 37 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

40

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

45

(vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

50 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 217:

KEINNYIRKE KNFKYLQPSY PNHPODRWVQ KNAPWFY

37

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 218:

55

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 213:

- 5 (A) LÄNGE: 68 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

- 10 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF
(iii) HYPOTHETISCH: ja

- 15 (vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 213:

20 DLCSTLSATK GSITCFLNKA LVSPPASSGL HYSETNSTSF AGGITVPISR LGPALQTSFG60
LLVLLTLL 68

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 214:

- 25 (A) LÄNGE: 54 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

- 30 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF
(iii) HYPOTHETISCH: ja

- 35 (vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 214:

40 TISFFKSKRG LKQEGTGTS QMDLGEHCTQ ALRKCKGLTS RPEQDGKLPGL PSGGL 54

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 215:

- 45 (A) LÄNGE: 276 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

- 50 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF
(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

5

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 210:

SSAVPDGAVG RPVAVAVGGP PHSCRCRPCC LMAAIGVHLG CTSACVAVYK DGRAGVVAND 60
AGDRVTPAVV AYSENEEIVG LAAQSRIRN ISNTVMKVQK ILGRSSSDPQ AQKYIAESKC120
10 LVIEKNGKLR YEIDTGEETK FVNPEDVARL IFSKMKETAH SVLGSDANDV VITVPFDFGE180
KQKNALGEAA RAAGFNVRLR IHEPSAALLA YGVGQDSP 218

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 211:

15 (A) LÄNGE: 186 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

20 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

25 (vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

30 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 211:

RKWTLTSMSSQ KRMLKRPDNK LKYVTKWQRT AKQITHPFSSR NSTMSSMNIT ILTSPTSSRK 60
YKRAEERRIV RMGESMKTYA EVDRQVIPII GKCLDGIVKA AESIDQKNDS QLVIEAYKSG120
FEPPGDIEFE DYTQPMKRTV SDNSLSNSRG EGKPDCLKFGG KSKGKLWPF I KKNKLMSLLT180
35 GGPFSF 186

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 212:

40 (A) LÄNGE: 60 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

45 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

50 (vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 212:

55 ISGRRVSLNF VSEFSITEFC PCWCLGYRPD GPGSFPSCSG LEVSPLHLK ACVQCSPKSI60

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 208:

- 5 (A) LÄNGE: 68 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

10 (iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

15 : (A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 208:

20 CCSCQSSQVR YSDRWMTFTI NQTSTPPPD S WQDSAGRP GT GHFHLVALL F PLENLWKTSR60
GPQNP GNL 68

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 209:

- 25 (A) LÄNGE: 164 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

30 (iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

35 : (A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 209:

40 WGGRTLASAV SIPLRKCHSH RPTVLARKQP QSGVPPPYTA IASPDASGIP VINCRVCQSL 60
INLDGKLHQH VVKCTVCNEA TPIKNPPTGK KYVRCPCNCL LICKDTSRRI GCPRPNCRR120
INLGPVMLIS EGTTSACIA QSQPEGYKGR VLGHGWGTHS LWDG 164

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 210:

- 45 (A) LÄNGE: 218 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

50 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(iii) HYPOTHETISCH: ja

5 (vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

10 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 205:

WVAGRRHLLS VQTKSLQVLG LDLCVTPESQ CIRYLYKKLV WFLSAKGKTC FLNLLSDNKV60
TPWKRRRTSEK YGVTTWAFPV LAACFGKLQC RLQRAV 96

15 (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 206:

(A) LÄNGE: 49 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

20 (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

25

(vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

30

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 206:

PDFRGFAGPA MFSRGFQVGR GERQGENAPC RGVQRSPASC PAVGWTSDL 49

35 (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 207:

(A) LÄNGE: 56 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

40 (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

45

(vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

50

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 207:

QISGVLRAPR CFPEVFKWEE ESDKVKMPRA GASSGVLPV RRWGGRLIYE GAHPPI 56

EANTFLSEDG SNVLQCPSVF SNFLSQMQTF PHSTSLPIPG PVSVLSQAT FSKEGVPLPA60

5 (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 203:

- (A) LÄNGE: 84 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
10 (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

15 (iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

20 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 203:

PTTTLVIPLF FLSSRKQKQ DSFQTALCSL HCSFPKQAAS TGKAHVVTYP FSEVLLFHGV60
25 TLLSESKFRK QVLPLADKNH TSFL 84

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 204:

- (A) LÄNGE: 128 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
30 (C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

35 (iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

40 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 204:

CDRVPLFLSY WCAVADSWLT ASSVSHVKG I LSPQTECAP PGPANCFNF FFFFFFFLVET 60
45 GSPSVAQDGL ELLGSSNPPT LASQSAEITG MSHYAQPEQD DLNLINSTPK QQLSLSQGCQ120
GGLCEGKD 128

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 205:

- 50 (A) LÄNGE: 96 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

55 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

5 (iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

10 : (A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 200:

15 R P G V E P P L L R R L P D S E T Q K R V Q G W G E M W S E G R F A F E K G S S R T H W D I V T H L N H L L I E R C W P 6 0
P N N G R S G P G P R A 7 2

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 201:

20 (A) LÄNGE: 77 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

25 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

30 : (A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 201:

35 G P S P Y A R G P G P D L P L L G G Q H L S I R R W F K C V T M S Q C V L E L P F S N A N L P S L H I S P H P W T R F C 6 0
V S E S G N L L K R G G S T P G L 7 7

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 202:

40 (A) LÄNGE: 60 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

45 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

50 : (A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 202:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 194:

EIMNGLVLDN IWPBKLLTSV LGESHFVNHT SEIYMMLNGE QRRSCCKRCI KYLCCFCMRL60
RSFSHLSPLE PIRISREAKL FCGFGNGHFP GKCIWIDD 98

5

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 195:

(A) LÄNGE: 115 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

10

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

15

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

20

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 195:

AHSSTKAKSK SEFLPILPLC NTLRSSHNCP TPHLPVSCCT KSPSLSSFRY IVRQGRRALR 60
25 RRAFEALSTL PASVKMLHY SPEKRARFSH RSRCIFPGND HSQTHRTVWL LWISL 115

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 196:

30

(A) LÄNGE: 128 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

35

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

40

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 196:

45

SGVKRISCVL ETKAYCHCFK KSLCEMKKNM TNTGSHTYTY IQRNLTCTH TGRYRHTVPP 60
KRSPNQSSYR FYHSVILSEV PTTAQLHTYP FPAAQSLLS HLFDTSSGRA EGHYAAEHSR120
LSAHCQPA 128

50

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 200:

(A) LÄNGE: 72 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

55

(C) STRANG: einzel

- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

5 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

10 (vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 192:

15 RAETRSQGQL NEDKLKGKLR CLESPAIQLY PEILPLGNVK STTGDGRAEK QLWAEQGQVI60

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 193:

20 (A) LÄNGE: 44 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

25 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

30 (vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 193:

35 SCIAGLSKHL SFPFSLSSLS CPWLRVSALQ LLPLRAFFPA SDLL

44

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 194:

40 (A) LÄNGE: 98 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

45 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

50 (vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

34. Eine Nukleinsäure-Sequenz gemäß den Ansprüchen 1 bis 10, dadurch gekennzeichnet, daß es eine mRNA-Sequenz ist.

5 35. Genomische Gene, ihre Promotoren, Enhancer, Silencer, Exonstruktur, Intronstruktur und deren Spleißvarianten, erhältlich aus den cDNAs der Sequenzen Seq. ID No 1-127, 391-403.

10 36. Verwendung der genomischen Gene gemäß Anspruch 33, zusammen mit geeigneten regulativen Elementen.

15 37. Verwendung gemäß Anspruch 36, dadurch gekennzeichnet, daß das regulative Element ein geeigneter Promotor und/ oder Enhancer ist.

20 38. Eine Nukleinsäure-Sequenz gemäß den Ansprüchen 1 bis 7, dadurch gekennzeichnet, daß die Größe des Fragments eine Länge von mindestens 300 bis 3500 bp aufweist.

1/10

Systematische Gen-Suche in der Incyte LifeSeq Datenbank

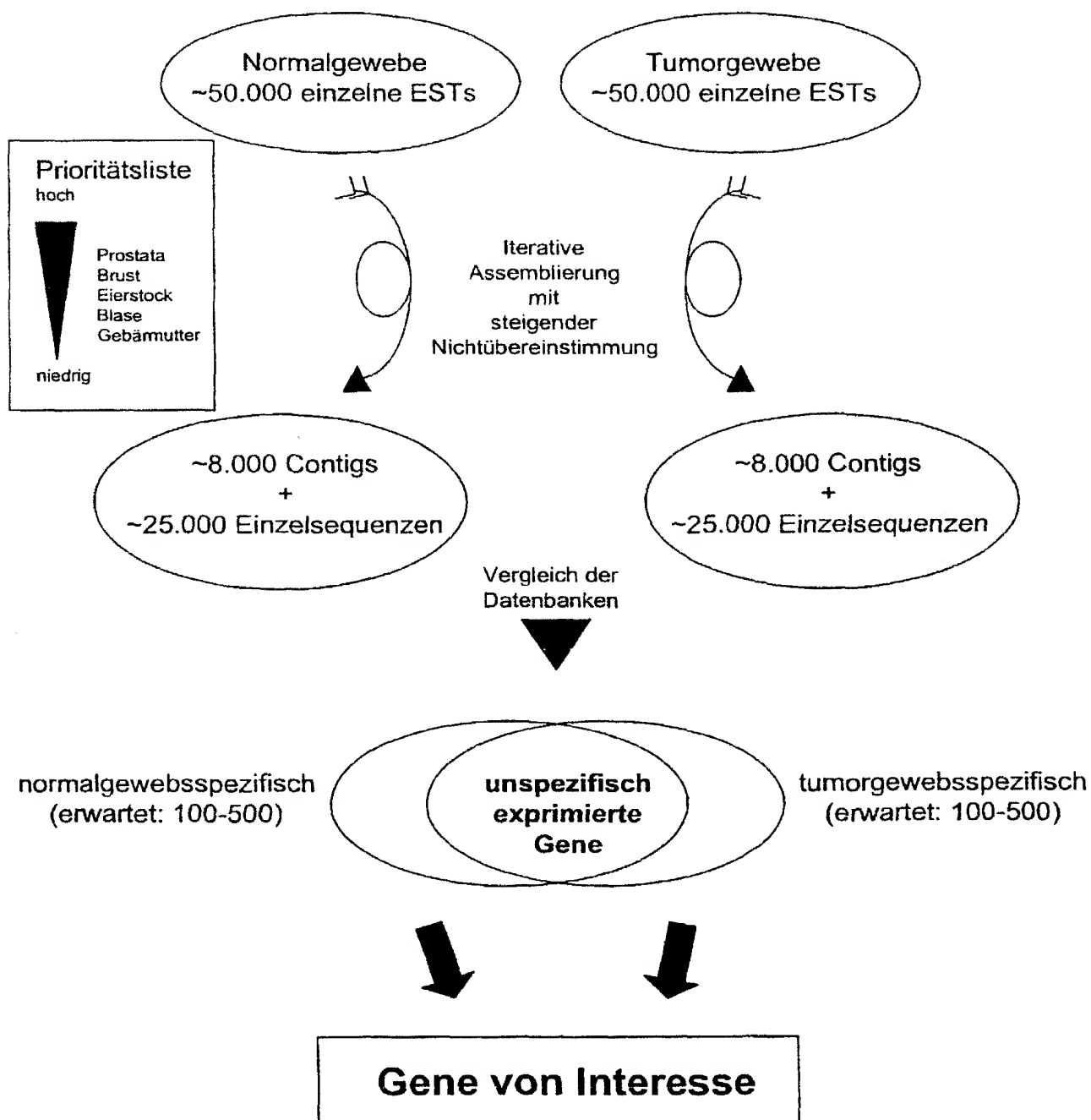


Fig. 1

2/10

Prinzip der EST-Assemblierung

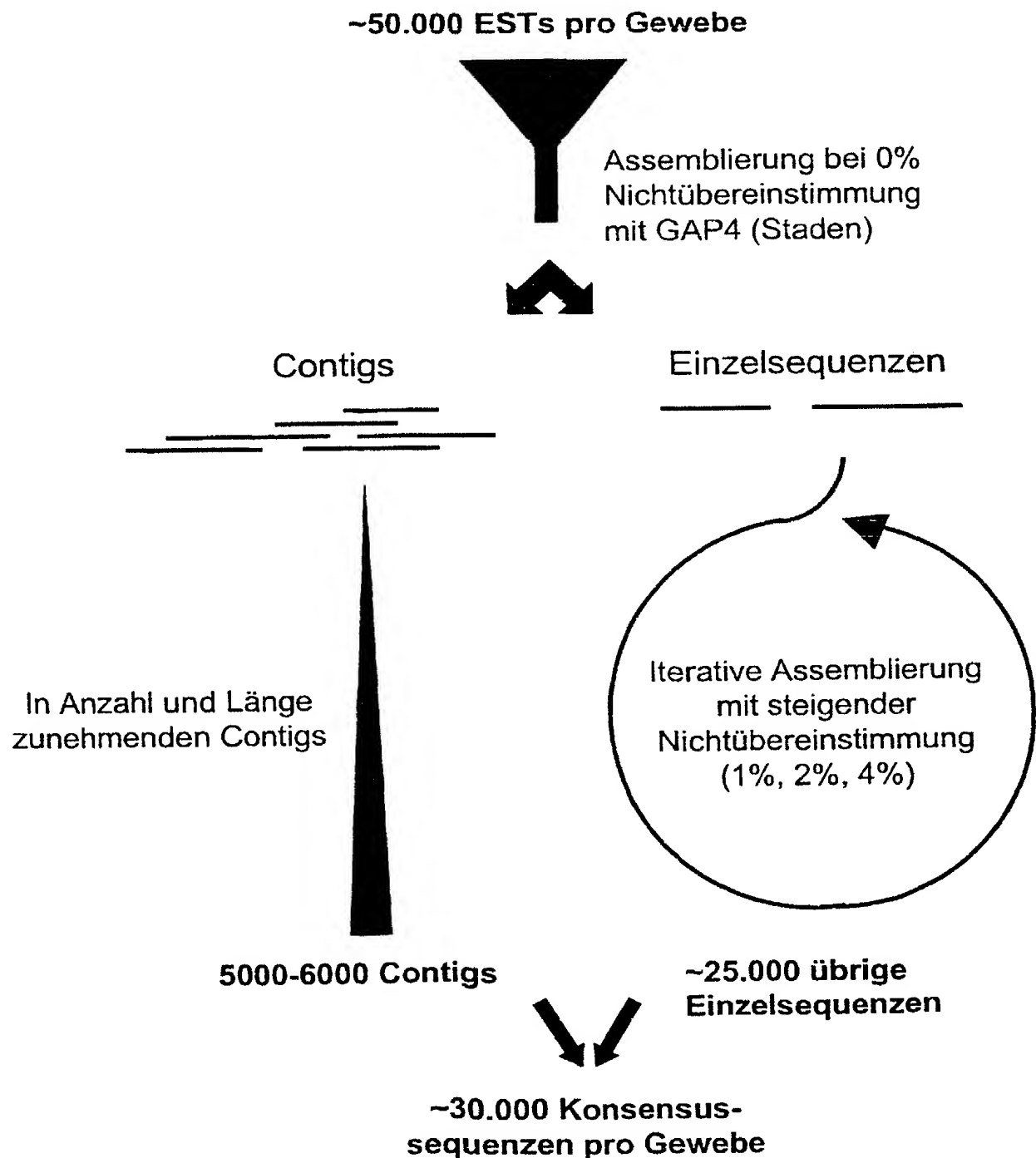


Fig. 2a

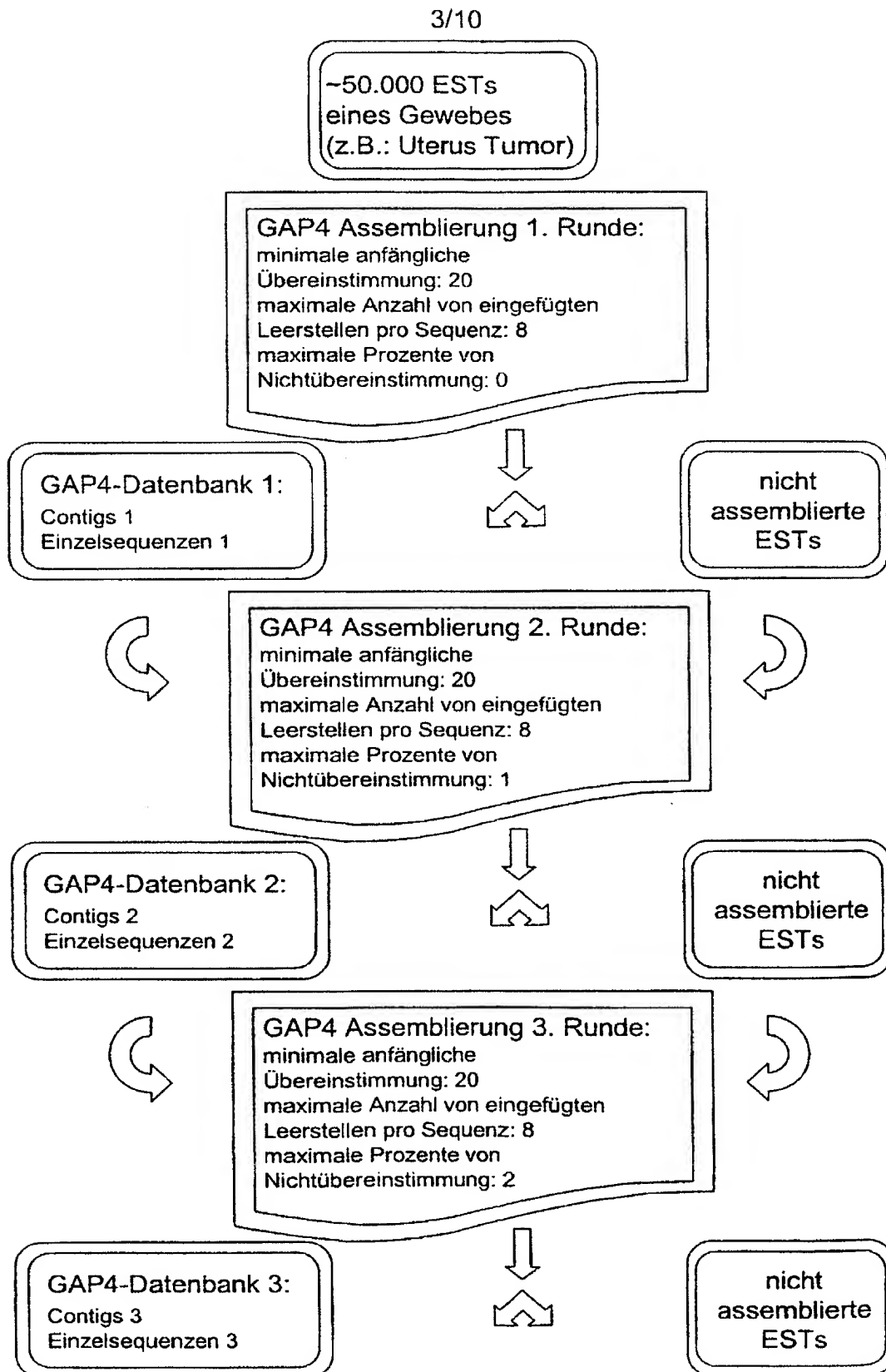


Fig. 2b1

4/10

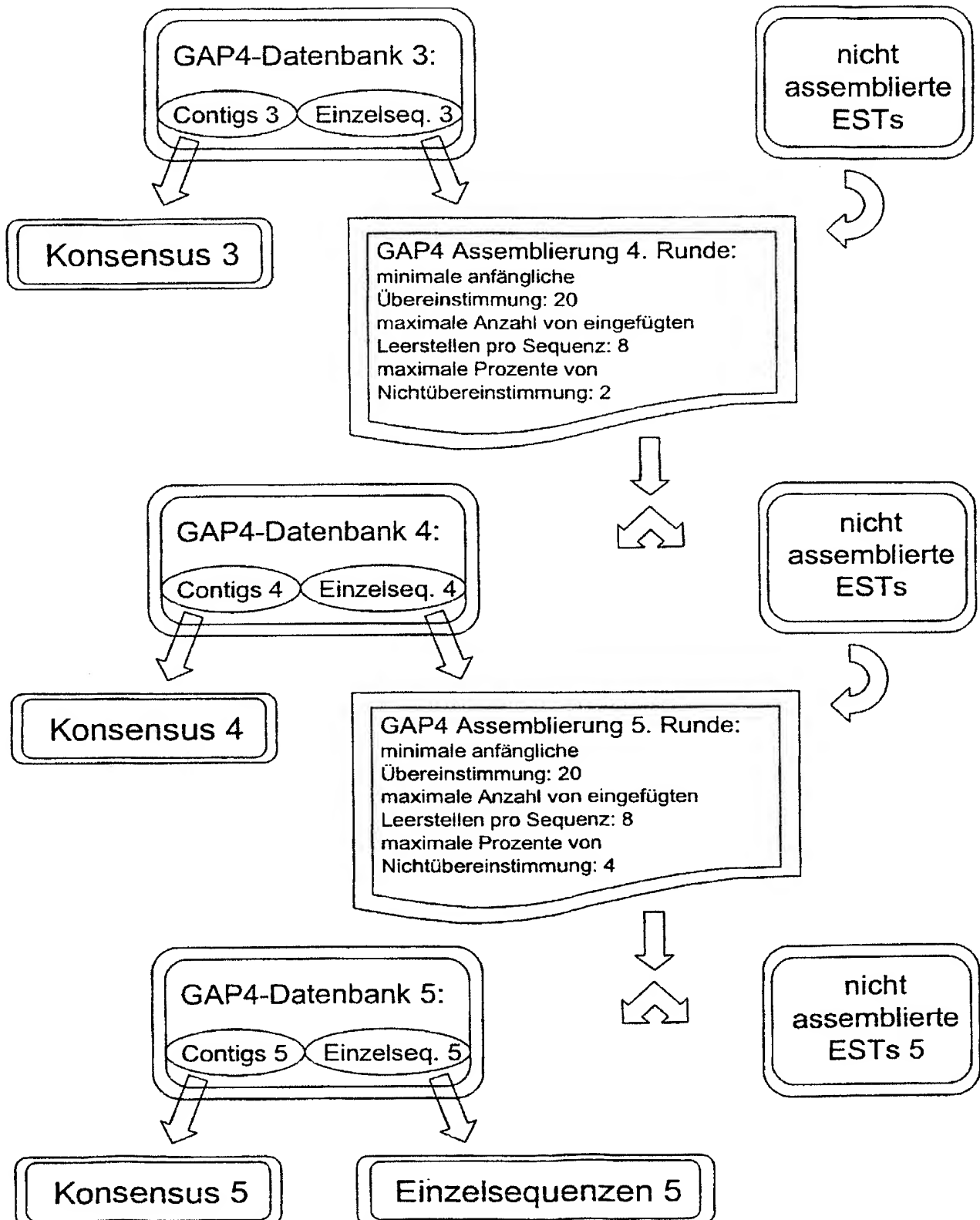


Fig. 2b2

5/10

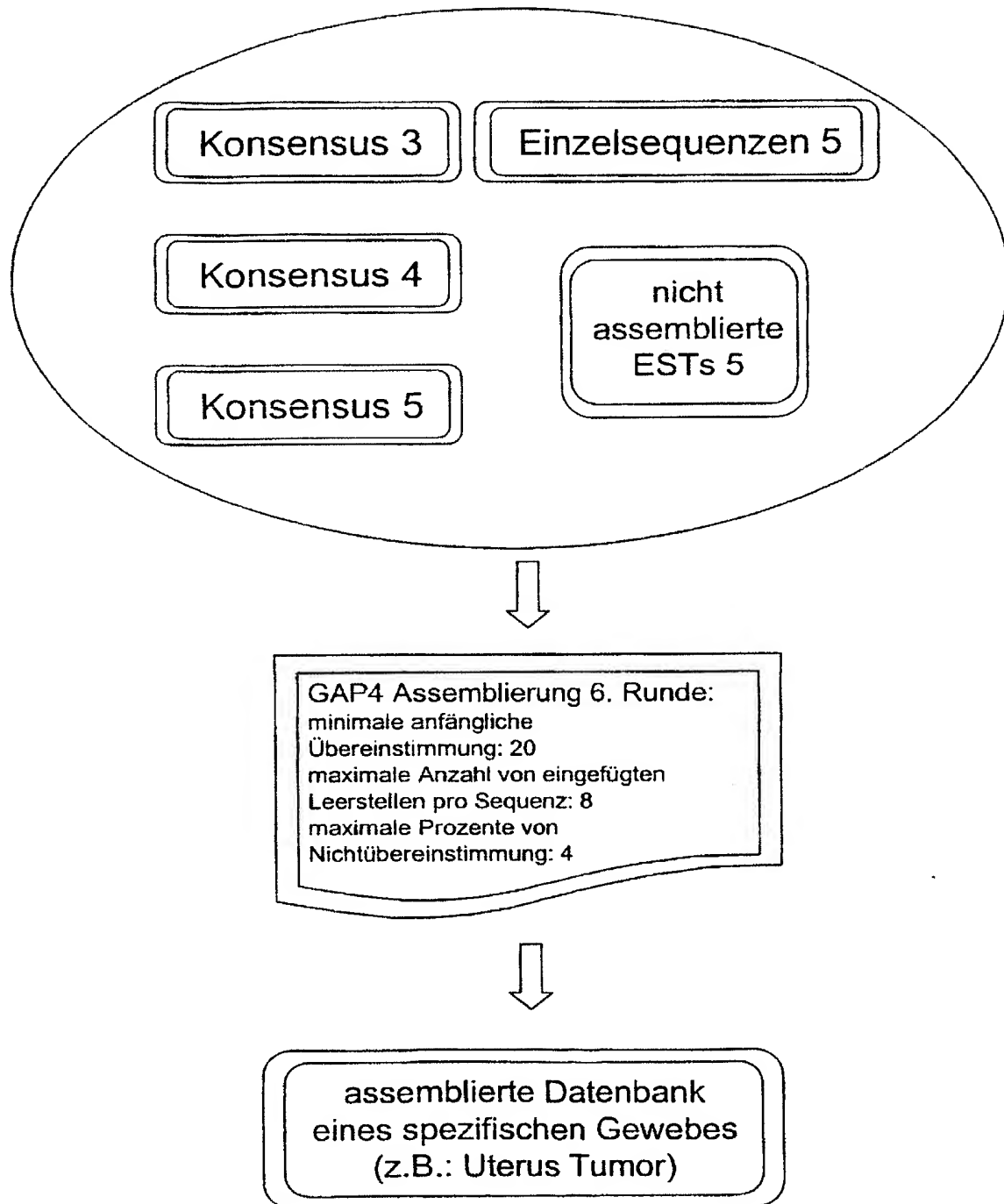


Fig. 2b3

6/10

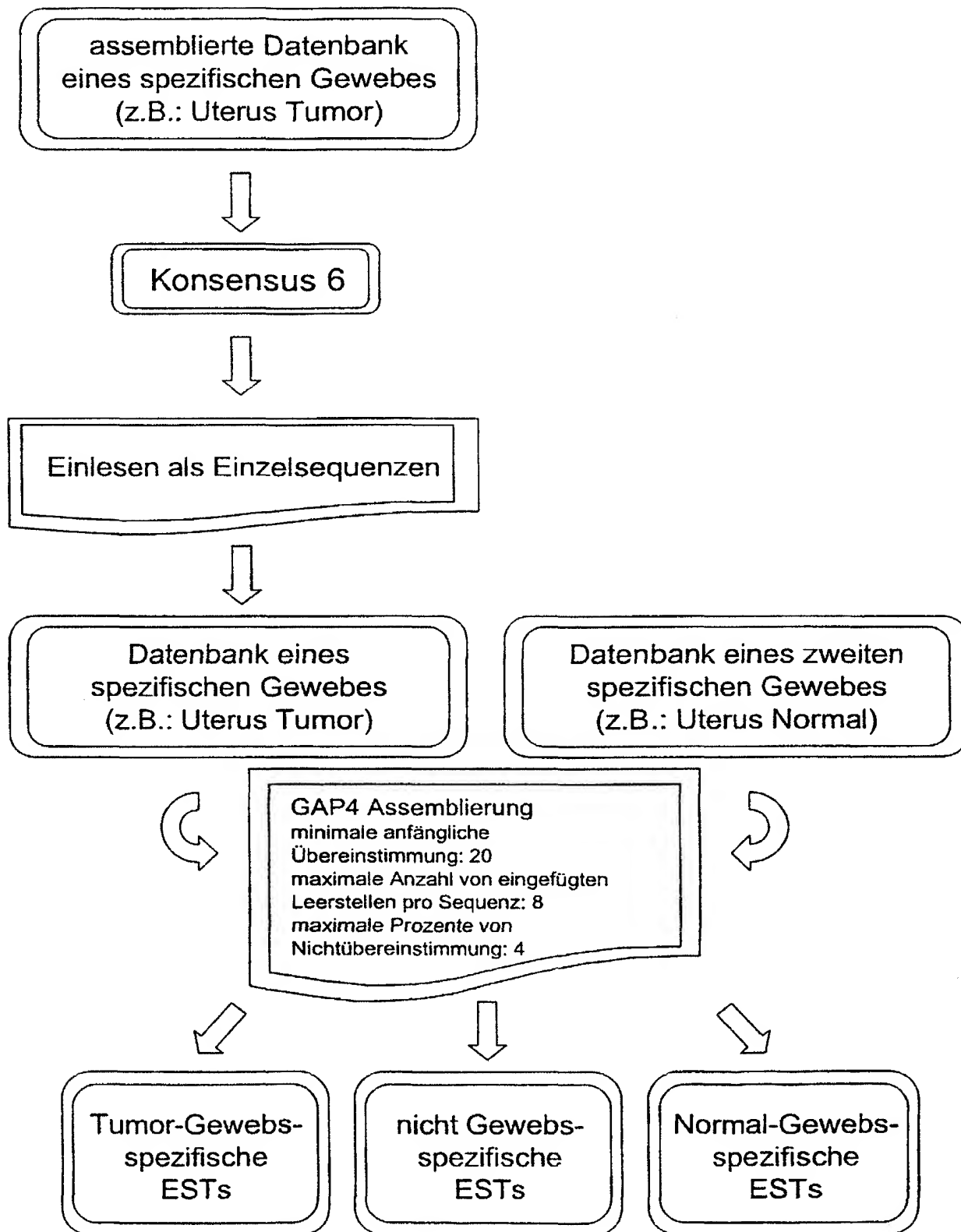


Fig. 2b4

7/10

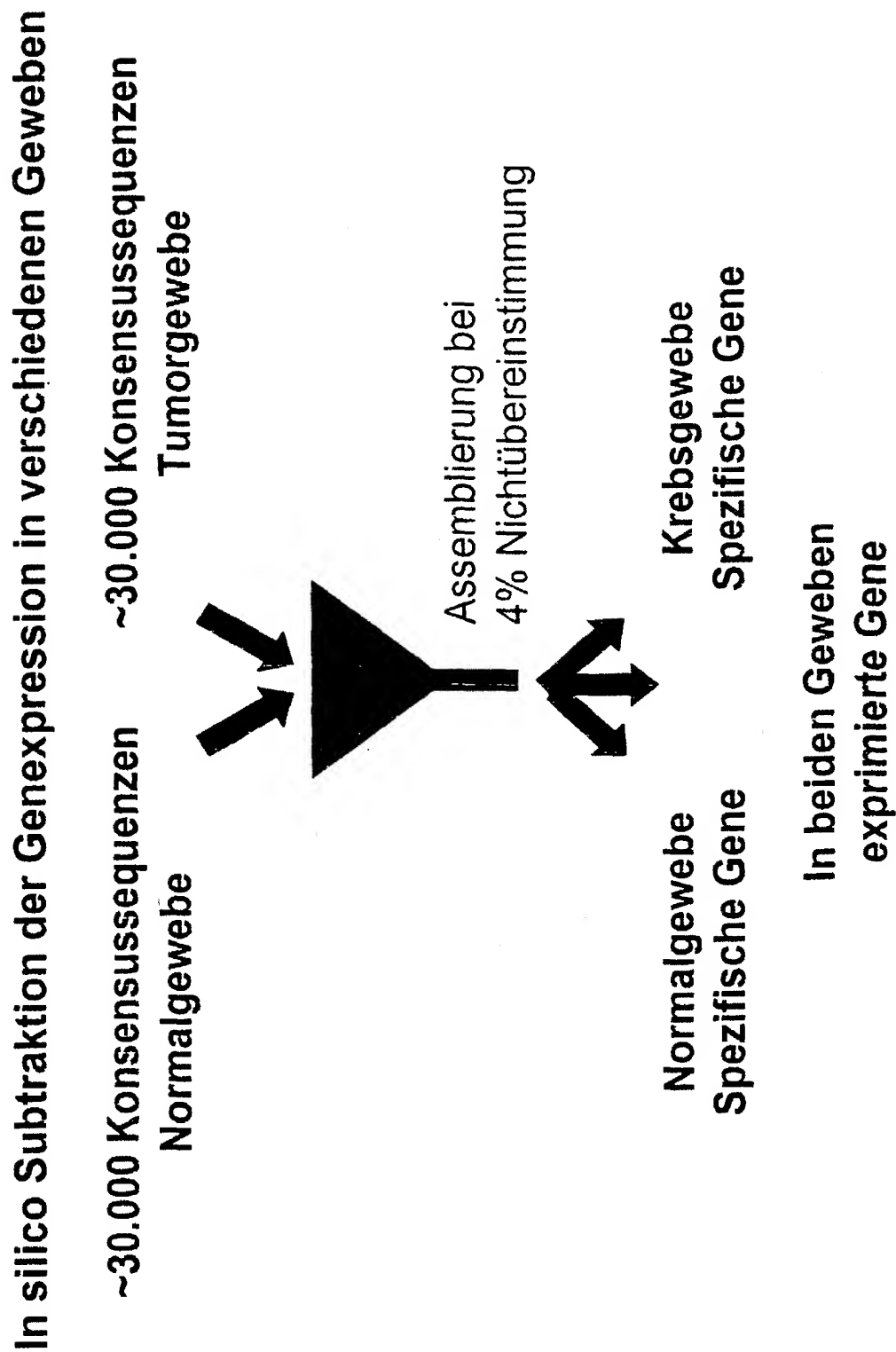


Fig. 3

8/10

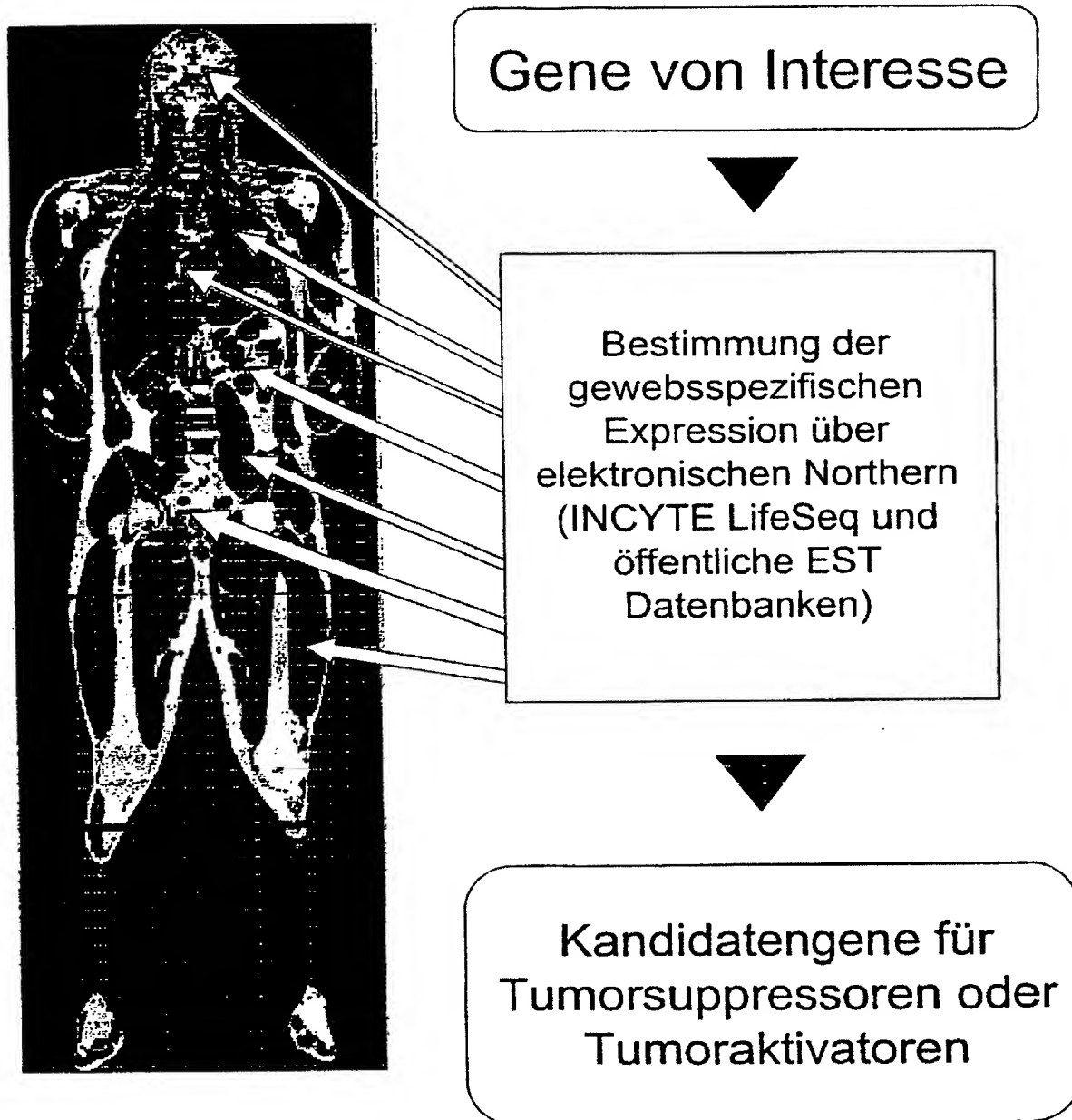


Fig. 4a

9/10

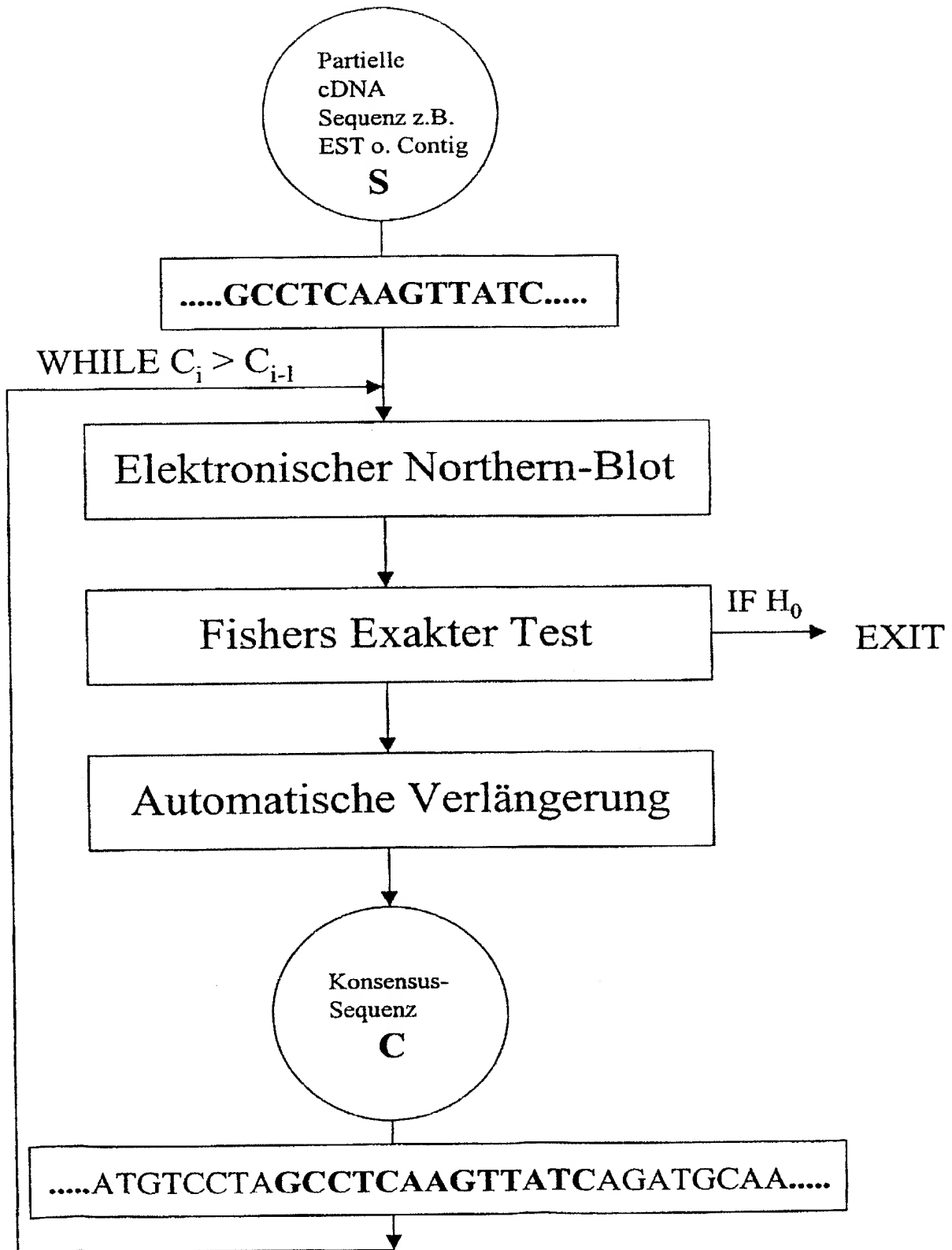


Fig. 4b

10/10

Isolieren von genomischen BAC und PAC Klonen



Chromosomale Klon-Lokalisation über FISH



Hybridisierungssignal



Sequenzierung von Klonen, die in Regionen lokalisiert sind, die chromosomale Deletionen in Prostata- und Brustkrebs aufweisen, führt zur Identifizierung von Kandidatengenen



Bestätigung der Kandidatengene durch Screening von Mutationen und/oder Deletionen in Krebsgeweben

Fig. 5